```
                GenCore version 5.1.6
  Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

leic search, using sw model

April 21, 2004, 06:00:54 ; Search time 15317 Seconds
                           (without alignments)
                          11437.784 Million cell updates/sec

JS-09-424-686F-1
4042
1 gtttcaggcagcgctgcgtc..........aaaaaaaaaaaaaaaaaaa 4042

IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

3470272 seqs, 21671516995 residues

hits satisfying chosen parameters:      6940544

ength: 0
ength: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 GenEmbl:*
:   gb_ba:*
:   gb_htg:*
:   gb_in:*
:   gb_om:*
:   gb_ov:*
:   gb_pat:*
:   gb_ph:*
:   gb_pl:*
:   gb_pr:*
.0:  gb_ro:*
.1:  gb_sts:*
.2:  gb_sy:*
.3:  gb_un:*
.4:  gb_vi:*
.5:  em_ba:*
.6:  em_fun:*
.7:  em_hum:*
8:  em_in:*
9:  em_mu:*
0:  em_om:*
1:  em_or:*
2:  em_ov:*
3:  em_pat:*
4:  em_ph:*
5:  em_pl:*
6:  em_ro:*
7:  em_sts:*
8:  em_un:*
9:  em_vi:*
0:  em_htg_hum:*
1:  em_htg_inv:*
2:  em_htg_other:*
3:  em_htg_mus:*
4:  em_htg_pln:*
5:  em_htg_rod:*
6:  em_htg_mam:*
7:  em_htg_vrt:*
8:  em_sy:*
9:  em_htgo_hum:*
0:  em_htgo_mus:*
1:  em_htgo_other:*

s the number of results predicted by chance to have a
```

```
score greater than or equal to the score of the result being p
and is derived by analysis of the total score distribution.

                            SUMMARIES
                   %
Result            Query
  No.   Score     Match Length DB  ID                      Descripti
---------------------------------------------------------------------
    1    4042    100.0   4042  6  AX001446                 AX001446
    2    4042    100.0   4042  6  AX003121                 AX003121
    3    4042    100.0   4042  6  BD136185                 BD136185
    4  4028.6     99.7   4037  6  E36819                   E36819 Hu
    5  4028.6     99.7   4037  6  AR390496                 AR390496
    6  4028.6     99.7   4037  6  AR393110                 AR393110
    7  4028.6     99.7   4037  6  AX810378                 AX810378
    8  4028.6     99.7   4037  6  BD011070                 BD011070
    9  4015.4     99.3   4070  6  AX391846                 AX391846
   10    4015     99.3   4015  6  AR104587                 AR104587
   11    4015     99.3   4015  6  AR175848                 AR175848
   12    4015     99.3   4015  6  E36793                   E36793 Hu
   13    4015     99.3   4015  6  AR182221                 AR182221
   14    4015     99.3   4015  6  AR224455                 AR224455
   15    4015     99.3   4015  6  AR226390                 AR226390
   16    4015     99.3   4015  6  AR243328                 AR243328
   17    4015     99.3   4015  6  AR263555                 AR263555
   18    4015     99.3   4015  6  AR265996                 AR265996
   19    4015     99.3   4015  6  AR390470                 AR390470
   20    4015     99.3   4015  6  AR393084                 AR393084
   21    4015     99.3   4015  6  AR404030                 AR404030
   22    4015     99.3   4015  6  AX019310                 AX019310
   23    4015     99.3   4015  6  AX133979                 AX133979
   24    4015     99.3   4015  6  AX552695                 AX552695
   25    4015     99.3   4015  6  AX810036                 AX810036
   26    4015     99.3   4015  6  BD011044                 BD011044
   27    4015     99.3   4015  6  BD015832                 BD015832
   28    4015     99.3   4015  6  BD082985                 BD082985
   29    4015     99.3   4015  6  BD131727                 BD131727
   30    4015     99.3   4015  6  BD218834                 BD218834
   31    4015     99.3   4015  9  AF015950                 AF015950
   32    4013     99.3   4027  6  BD233924                 BD233924
   33    4013     99.3   4027  9  AF018167                 AF018167
   34  3960.8     98.0   3964  6  BD196267                 BD196267
   35    3872     95.8   3918  6  BD196293                 BD196293
   36  3868.2     95.7   4029  6  AR104586                 AR104586
   37  3868.2     95.7   4029  6  AR175847                 AR175847
   38  3868.2     95.7   4029  6  E36818                   E36818 Hu
   39  3868.2     95.7   4029  6  AR390495                 AR390495
   40  3868.2     95.7   4029  6  AR393109                 AR393109
   41  3868.2     95.7   4029  6  AX810327                 AX810327
   42  3868.2     95.7   4029  6  BD011069                 BD011069
   43    3758     93.0   4022  6  BD196302                 BD196302
   44    3661     90.6   3855  6  E36795                   E36795 Hu
   45    3661     90.6   3855  6  AR243330                 AR243330

                            ALIGNMENTS


RESULT 1
AX001446
LOCUS       AX001446               4042 bp    DNA     linear   PAT
DEFINITION  Sequence 1 from Patent WO9859040.
ACCESSION   AX001446
VERSION     AX001446.1  GI:7241612
KEYWORDS    .
SOURCE      unidentified
  ORGANISM  unidentified
            unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4042)
  AUTHORS   Wick,M. and Hagen,G.
  TITLE     HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT AND ITS DIAGNOSTIC AN
            THERAPEUTIC USE
  JOURNAL   Patent: WO 9859040-A 1 30-DEC-1998;
```

```
MARESA (DE); BAYER AG (DE)
     Location/Qualifiers
     1. .4042
     /organism="unidentified"
     /mol_type="unassigned DNA"
     /isolate="HUMAN"
     /db_xref="taxon:32644"


           100.0%;  Score 4042;  DB 6;  Length 4042;
ilarity    100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative     0;  Mismatches     0;  Indels     0;  Gaps     0;

TTCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60

ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120

GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180

CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240

GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300

GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360

TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420

AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480

CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540

TGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600

CCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660

GGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720

CGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780

GCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGG 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGG 840

GGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCG 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCG 900
```

```
Qy        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCA

Qy        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGG

Qy       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGAC

Qy       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCT

Qy       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGC

Qy       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTT

Qy       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG

Qy       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC

Qy       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC

Qy       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT

Qy       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG

Qy       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG

Qy       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG

Qy       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA

Qy       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA

Qy       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC

Qy       1861 AGCTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 AGCTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGA

Qy       1921 GACTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GACTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACT

Qy       1981 TGGGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGG
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040

TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100

TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160

ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220

CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280

TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340

GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400

AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460

CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520

GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580

TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640

GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700

AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760

GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820

AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880

AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940

ACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC 3000
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC 3000

AGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCA 3060
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCA 3060

TCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCC 3120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC

Qy       3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG

Qy       3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG

Qy       3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT

Qy       3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA

Qy       3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG

Qy       3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC

Qy       3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA

Qy       3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT

Qy       3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT

Qy       3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT

Qy       3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG

Qy       3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCC

Qy       3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGT

Qy       3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGG

Qy       3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTT

Qy       4021 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042
              ||||||||||||||||||||||
Db       4021 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042

RESULT 2
AX003121
LOCUS       AX003121                  4042 bp    DNA     linear   PAT 2
DEFINITION  Sequence 2 from Patent WO9933998.
ACCESSION   AX003121
VERSION     AX003121.1  GI:9926983
```

```
sapiens (human)
sapiens
yota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
lia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.

M. and Hagen,G.
atory dna sequences of the human catalytic telomerase sub-unit
 diagnostic and therapeutic use thereof
t: WO 9933998-A 2 08-JUL-1999;
MARESA (DE); BAYER AG (DE)
    Location/Qualifiers
    1. .4042
    /organism="Homo sapiens"
    /mol_type="unassigned DNA"
    /db_xref="taxon:9606"


         100.0%;  Score 4042;  DB 6;  Length 4042;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

TCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60

TGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120

TGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180

GCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240

ACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300

TGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360

TCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420

GCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480

TGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540

TGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600

CCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660

GGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720

CGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780
```

```
Qy        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC

Qy        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC

Qy        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT

Qy        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG

Qy       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA

Qy       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC

Qy       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA

Qy       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG

Qy       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG

Qy       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC

Qy       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC

Qy       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT

Qy       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG

Qy       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG

Qy       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG

Qy       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA

Qy       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA

Qy       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC
```

```
Qy      TGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA 1920
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA 1920

Qy      TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980

Qy      GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040

Qy      TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100

Qy      TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160

Qy      ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220

Qy      CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280

Qy      TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340

Qy      GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400

Qy      AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460

Qy      CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520

Qy      GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580

Qy      TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640

Qy      GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700

Qy      AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760

Qy      GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820

Qy      AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880

Qy      AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940

Qy      ACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC 3000
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 TCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGTCT

Qy      3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT

Qy      3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC

Qy      3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG

Qy      3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG

Qy      3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT

Qy      3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA

Qy      3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG

Qy      3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC

Qy      3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA

Qy      3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT

Qy      3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT

Qy      3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT

Qy      3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG

Qy      3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCC

Qy      3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGT

Qy      3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGG

Qy      3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTT

Qy      4021 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042
             ||||||||||||||||||||||
AAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042



185                    4042 bp    DNA     linear   PAT 18-SEP-2002
 telomerase catalyst subunit, diagnostic and therapeutic
zation thereof and structure and function of chromosome end.
185
185.1  GI:23231130
02508662-A/1.
ntified
ntified
ssified.
ases 1 to 4042)
,G., Siegmund,H.U., Weichel,W., Wick,M. and Zubo,D.
 telomerase catalyst subunit, diagnostic and therapeutic
zation thereof and structure and function of chromosome end
t: JP 2002508662-A 1 19-MAR-2002;
 AG
 Unidentified
 JP 2002508662-A/1
 19-MAR-2002
 09-JUN-1998 JP 1999503685
 20-JUN-1997 DE 197 26 329.1,26-MAR-1998 DE 198 13 274.3 PR
R-1998 DE 198 16 496.3
 GUSTAV HAGEN,HANS ULRICH SIEGMUND,WALTER WEICHEL,MARESA WICK,
 DMITRY ZUBOV
 C12N15/54,C12N9/12,A61K38/45,C07K16/40,C12Q1/68,C12Q1/48, PC
5/11,
 A61K31/70
 Strandedness: Single;
 Topology: Linear;
 Human telomerase catalyst subunit, diagnostic and therapeutic
          utilization
 thereof and structure and function of chromosome end FH   Key
        Location/Qualifiers
 source            1. .4042
                   /organism='Unidentified'.
     Location/Qualifiers
     1. .4042
     /organism="unidentified"
     /mol_type="genomic DNA"
     /db_xref="taxon:32644"


          100.0%;  Score 4042;  DB 6;  Length 4042;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

TCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60

TGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120

TGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180

GCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240

ACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300

TGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360
```

```
Qy        361 GCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCA

Qy        421 GCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 GCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGG

Qy        481 TGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGC

Qy        541 TGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGC

Qy        601 CTGCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CTGCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGG

Qy        661 AACGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 AACGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAG

Qy        721 GTGCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GTGCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGC

Qy        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC

Qy        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC

Qy        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT

Qy        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG

Qy       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA

Qy       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC

Qy       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA

Qy       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG

Qy       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG

Qy       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC

Qy       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC
```

```
TGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT 1500
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT 1500

GGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC 1560
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC 1560

CCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC 1620
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC 1620

GCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA 1680
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA 1680

TGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT 1740
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT 1740

TTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG 1800
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG 1800

GGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG 1860
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG 1860

TGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA 1920
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA 1920

TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980

GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040

TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100

TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160

ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220

CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280

GCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340

CCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400

AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460

CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520

GGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 TCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCT

Qy    2581 TGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 TGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTC

Qy    2641 ACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 ACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCA

Qy    2701 CGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGG

Qy    2761 TGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 TGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGG

Qy    2821 TTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 TTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCC

Qy    2881 TGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 TGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTC

Qy    2941 TCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 TCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCT

Qy    3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT

Qy    3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC

Qy    3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG

Qy    3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG

Qy    3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATT

Qy    3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA

Qy    3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG

Qy    3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCA

Qy    3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAG

Qy    3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTT

Qy    3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCC 3660

GGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 3720
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 3720

CCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 3780
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 3780

ATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 3840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 3840

ATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAA 3900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAA 3900

TGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 3960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 3960

GGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAA 4020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042
|||||||||||||||||||
AAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042



9                     4037 bp    DNA     linear   PAT 18-JUN-2001
 telomerase catalytic subunit promoter.
9
9.1  GI:13022782
99253177-A/27.
ntified
ntified
ssified.
ases 1 to 4037)
s,R.S., Jochimu,R., Toru,N., Karen,B.C., Greg,B.M.,
n,B.H. and William,H.A.
 telomerase catalytic subunit promoter
t: JP 1999253177-A 27 21-SEP-1999;
 CORP,UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
Unidentified
JP 1999253177-A/27
21-SEP-1999
15-OCT-1998 JP 1998320169
01-OCT-1996 US   08/724.643,18-APR-1997 US   08/844.419, PR
R-1997 US   08/846.017,06-MAY-1997 US   08/851.843, PR
Y-1997 US   08/854.050,14-AUG-1997 US   08/911.312, PR
G-1997 US   08/912.951,14-AUG-1997 US   08/915.503 PI   THOMAS
HI,JOCHIMU RINGNER,TORU NAKAMURA,KAREN B CHAPMAN, PI   GREG B
,
CALVIN B HAREI,WILLIAM H ANDREWS
C12N15/09,A61K31/70,A61K38/55,A61K39/395,A61K39/395,A61K48/00,
C12Q1/02,
C12Q1/48,C12Q1/68,G01N33/15,G01N33/48,G01N33/50//C07K14/47, PC
K16/40,
C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/12,C12P21/08,(C12N1/19, PC
:84),
(C12N1/21,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:84),
(C12N9/12,C12R1:91),C12N15/00,A61K37/64,C12N5/00 CC
dedness: Single;
Topology: Linear;
Key              Location/Qualifiers
CDS              56. .3454.
    Location/Qualifiers
    1. .4037
    /organism="unidentified"
```

```
                    /mol_type="genomic DNA"
                    /db_xref="taxon:32644"
ORIGIN

  Query Match             99.7%;  Score 4028.6;  DB 6;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4028;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTC

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC
```

```
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAA 4027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAA 4042
||||||||||||
AAAAAAAAAAAA 4035


496                          4037 bp    mRNA    linear   PAT 18-DEC-2003
nce 343 from patent US 6610839.
496
496.1  GI:40112420

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4037)
```

```
  AUTHORS   Morin,G.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Promoter for telomerase reverse transcriptase
  JOURNAL   Patent: US 6610839-A 343 26-AUG-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4037
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             99.7%;  Score 4028.6;  DB 6;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4028;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
```

```
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

ATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

ACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981  CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy     2048  CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041  CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy     2108  CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101  CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy     2168  GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161  GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy     2228  GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221  GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy     2288  TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281  TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy     2348  CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341  CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy     2408  GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401  GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy     2468  CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461  CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy     2528  CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521  CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy     2588  CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581  CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy     2648  GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641  GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy     2708  CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701  CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy     2768  GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761  GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy     2828  GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821  GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG

Qy     2888  GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db     2881  GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTC

Qy     2948  CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941  CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG

Qy     3008  TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001  TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC

Qy     3068  CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||:||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAAAA 4027
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAAA 4042
||||||||||||||
AAAAAAAAAAAAAA 4035



3110                 4037 bp    mRNA    linear   PAT 18-DEC-2003
ence 343 from patent US 6617110.
3110
3110.1  GI:40118392
```

```
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4037)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 343 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4037
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             99.7%;  Score 4028.6;  DB 6;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4028;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC
```

```
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCTTGTCC 1027
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTC

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
```

```
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAA 4027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAA 4042
|||||||||||||
AAAAAAAAAAAAA 4035
```

```
RESULT 7
AX810378
LOCUS       AX810378                4037 bp    mRNA    linear   PAT
DEFINITION  Sequence 343 from Patent EP1333094.
ACCESSION   AX810378
VERSION     AX810378.1  GI:38523892
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Hom
REFERENCE   1
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit
  JOURNAL   Patent: EP 1333094-A 343 06-AUG-2003;
            Geron Corporation (US) ; University Technology Corporati
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4037
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     CDS             56. .3454
                     /note="unnamed protein product; refined sequenc
                     cDNA"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAE75644.1"
                     /db_xref="GI:38523893"
                     /translation="MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGP
                     AAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCER
                     LLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVL
                     LVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSV
                     PGARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGP
                     RPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPP
                     SGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPR
                     FLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPE
                     LLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISL
                     TWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVE
                     TFQKNRLFFYRPSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREAR
                     PKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERAR
                     LDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVI
                     VRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLR
                     NEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLC
                     IRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKT
                     GGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASVTFN
                     KLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQL
                     FFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQA
                     YVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD"
ORIGIN

  Query Match             99.7%;  Score 4028.6;  DB 6;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4028;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCG

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy          AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy          GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy          GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy          CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy          TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy          GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy          GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
```

```
Qy     1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy     1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy     1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT

Qy     1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy     1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy     1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy     1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGT

Qy     1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy     1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy     1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy     1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA

Qy     2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG

Qy     2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG

Qy     2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy     2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC

Qy     2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG

Qy     2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG

Qy     2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
```

```
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
               |||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
               ||||||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAA

Qy        4028 AAAAAAAAAAAAAAA 4042
               |||||||||||||||
Db        4021 AAAAAAAAAAAAAAA 4035


RESULT 8
BD011070
LOCUS       BD011070                4037 bp    DNA     linear   PAT
DEFINITION  Human telomerase catalytic subunit.
ACCESSION   BD011070
VERSION     BD011070.1  GI:18639443
KEYWORDS    JP 2001081042-A/27.
SOURCE      unidentified
  ORGANISM  unidentified
            unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4037)
  AUTHORS   Sechi,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Mori,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit
  JOURNAL   Patent: JP 2001081042-A 27 27-MAR-2001;
            GERON CORP,UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
COMMENT     OS   Unidentified
            PN   JP 2001081042-A/27
            PD   27-MAR-2001
            PF   27-JUL-2000 JP 2000227474
            PR   01-OCT-1996 US     08/724643,18-APR-1997 US    08/844
            25-APR-1997 US     08/846017,06-MAY-1997 US    08/851843
            09-MAY-1997 US     08/854050,14-AUG-1997 US    08/911312
            14-AUG-1997 US     08/912951,14-AUG-1997 US    08/915503
            R SECHI,JOACHIM LINGNER,TORU NAKAMURA,KAREN B CHAPMAN, PI
            MORIN,
            PI   CALVIN B HARLEY,WILLIAM H ANDREWS
            PC   A61K38/00,A61K31/7088,A61K39/00,A61K48/00,A61P35/00,
            PC   C07K5/10,
            PC   C07K5/107,C07K5/117,C07K7/06,C07K7/08,C07K16/40,C12N
            C12N15/09,
            PC   C12Q1/02,C12Q1/48,C12Q1/68,G01N33/15,G01N33/50,G01N3
            G01N33/53,
            PC   G01N33/566,G01N33/573//C12P21/08,A61K37/02,C12N15/00
            Strandedness: Single;
            CC   Topology: Linear;
            FH   Key              Location/Qualifiers
```

```
CDS             56. .3454.
   Location/Qualifiers
   1. .4037
   /organism="unidentified"
   /mol_type="genomic DNA"
   /db_xref="taxon:32644"


          99.7%;  Score 4028.6;  DB 6;  Length 4037;
.larity   99.8%;  Pred. No. 0;
Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 967
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy         968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy        1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy        1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy        1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy        1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy        1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy        1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy        1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy        1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy        1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT

Qy        1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTC
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTC

Qy        1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC

Qy        1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy        1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTC

Qy        1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG

Qy        1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy        1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy        1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTCAACCG 2940

GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
```

```
Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              |||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAA

Qy       4028 AAAAAAAAAAAAAAA 4042
              |||||||||||||||
Db       4021 AAAAAAAAAAAAAAA 4035

RESULT 9
AX391846
LOCUS       AX391846                4070 bp    DNA     linear   PAT
DEFINITION  Sequence 1 from Patent WO0216555.
ACCESSION   AX391846
VERSION     AX391846.1  GI:19700428
KEYWORDS    .
```

```
 sapiens (human)
 sapiens
yota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
lia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.

,C.J., Kipling,D.G., Wilkinson,G., Mcsharry,B.D. and
er,J.W.
 lines, their preparation and use
t: WO 0216555-A 1 28-FEB-2002;
rsity of Wales College of Medicine (GB)
     Location/Qualifiers
     1. .4070
     /organism="Homo sapiens"
     /mol_type="unassigned DNA"
     /db_xref="taxon:9606"


          99.3%;  Score 4015.4;  DB 6;  Length 4070;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATG 65
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATG 78

CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTG 125
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTG 138

CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGC 185
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGC 198

GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGAC 245
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGAC 258

CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTG 305
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTG 318

CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTC 365
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTC 378

CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGC 425
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGC 438

CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTG 485
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTG 498

CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTG 545
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTG 558

GCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCC 605
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCC 618

CAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGG 665
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGG 678

TGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCG 725
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCG 738

AGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGC 785
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGC 798
```

```
Qy        786 GCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        799 GCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCG

Qy        846 ACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        859 ACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCC

Qy        906 GCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        919 GCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTG

Qy        966 CAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        979 CAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACG

Qy       1026 CCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1039 CCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAG

Qy       1086 CGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1099 CGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGG

Qy       1146 GAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1159 GAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTG

Qy       1206 CTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1219 CTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAAC

Qy       1266 CAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1279 CAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTC

Qy       1326 GCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1339 GCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAG

Qy       1386 GACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1399 GACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGG

Qy       1446 TACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1459 TACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGC

Qy       1506 CACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1519 CACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAG

Qy       1566 AAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1579 AAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGG

Qy       1626 AGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1639 AGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA

Qy       1686 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1699 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT

Qy       1746 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1759 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG

Qy       1806 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1819 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG

Qy       1866 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 1938

CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 1985
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 1998

CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2045
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2058

CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTG 2105
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTG 2118

CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGAC 2165
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGAC 2178

GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCC 2225
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCC 2238

GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTG 2285
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTG 2298

TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGC 2345
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGC 2358

CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG 2405
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG 2418

GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCC 2465
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCC 2478

CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGG 2525
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGG 2538

CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTC 2585
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTC 2598

CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGG 2645
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGG 2658

GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAA 2705
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAA 2718

CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGG 2765
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGG 2778

GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAG 2825
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAG 2838

GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAG 2885
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAG 2898

GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAAC 2945
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAAC 2958

CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAG 3005
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2959 CGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGG

Qy       3006 TGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3019 TGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACC

Qy       3066 TACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3079 TACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTC

Qy       3126 CATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3139 CATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACG

Qy       3186 CTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3199 CTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAG

Qy       3246 GCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3259 GCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTG

Qy       3306 CTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3319 CTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCC

Qy       3366 CAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3379 CAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCC

Qy       3426 GCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3439 GCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGC

Qy       3486 GAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3499 GAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAG

Qy       3546 CCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3559 CCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCC

Qy       3606 TGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3619 TGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGC

Qy       3666 CTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3679 CTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCT

Qy       3726 CAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3739 CAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATA

Qy       3786 CCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3799 CCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCC

Qy       3846 CCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3859 CCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCA

Qy       3906 TGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3919 TGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAA

Qy       3966 GGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3979 GGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAA


RESULT 10
AR104587
```

```
587                 4015 bp    DNA     linear   PAT 14-FEB-2001
nce 224 from patent US 6093809.
587
587.1  GI:12817295

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4015)
T.R. and Lingner,J.
erase
t: US 6093809-A 224 25-JUL-2000;
    Location/Qualifiers
    1..4015
    /organism="unknown"
    /mol_type="unassigned DNA"


         99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
```

```
Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
```

```
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy        3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy        3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy        3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy        3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy        3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy        3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy        3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy        3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy        3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy        3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 11
```

```
848                      4015 bp    DNA     linear   PAT 17-DEC-2001
nce 224 from patent US 6309867.
848
848.1  GI:17917147

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4015)
T.R. and Nakamura,T.
erase
t: US 6309867-A 224 30-OCT-2001;
      Location/Qualifiers
      1. .4015
      /organism="unknown"
      /mol_type="unassigned DNA"


           99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
```

```
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
```

```
Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
3                    4015 bp    DNA     linear   PAT 18-JUN-2001
. telomerase catalytic subunit promoter.
3
3.1  GI:13022756
99253177-A/1.
ntified
ntified
ssified.
ases 1 to 4015)
s,R.S., Jochimu,R., Toru,N., Karen,B.C., Greg,B.M.,
n,B.H. and William,H.A.
 telomerase catalytic subunit promoter
t: JP 1999253177-A 1 21-SEP-1999;
 CORP,UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
Unidentified
JP 1999253177-A/1
21-SEP-1999
15-OCT-1998 JP 1998320169
01-OCT-1996 US   08/724.643,18-APR-1997 US   08/844.419, PR
R-1997 US   08/846.017,06-MAY-1997 US   08/851.843, PR
Y-1997 US   08/854.050,14-AUG-1997 US   08/911.312, PR
G-1997 US   08/912.951,14-AUG-1997 US   08/915.503 PI   THOMAS
HI,JOCHIMU RINGNER,TORU NAKAMURA,KAREN B CHAPMAN, PI   GREG B
,
CALVIN B HAREI,WILLIAM H ANDREWS
C12N15/09,A61K31/70,A61K38/55,A61K39/395,A61K39/395,A61K48/00,
C12Q1/02,
C12Q1/48,C12Q1/68,G01N33/15,G01N33/48,G01N33/50//C07K14/47, PC
K16/40,
C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/12,C12P21/08,(C12N1/19, PC
:84),
(C12N1/21,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:84),
(C12N9/12,C12R1:91),C12N15/00,A61K37/64,C12N5/00 CC
dedness: Single;
Topology: Linear;
Key              Location/Qualifiers
CDS              56. .3454.
    Location/Qualifiers
    1. .4015
    /organism="unidentified"
    /mol_type="genomic DNA"
    /db_xref="taxon:32644"


          99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
```

```
Qy          368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy          428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy          488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy          548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy          608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy          668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy          728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy          788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy          848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy          908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy          968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy         1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy         1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy         1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy         1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy         1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC

Qy         1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG

Qy         1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
```

```
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy         2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy         2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy         2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy         2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy         2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



221                  4015 bp    DNA     linear   PAT 20-APR-2002
nce 1 from patent US 6337200.
221
221.1   GI:20225137

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4015)
,G.B.
 telomerase catalytic subunit variants
t: US 6337200-A 1 08-JAN-2002;
    Location/Qualifiers
    1. .4015
    /organism="unknown"
    /mol_type="unassigned DNA"


         99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy     368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy     428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy     488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy     548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy     608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy     668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy     728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy     788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy     848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy     908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy     968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy    1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy    1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy    1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy    1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy    1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy    1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG

Qy    1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
```

```
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



455                    4015 bp    DNA     linear   PAT 26-SEP-2002
nce 1 from patent US 6440735.
455
455.1  GI:23333293

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4015)
,F.C.A.
itic cell vaccine containing telomerase reverse transcriptase
he treament of cancer
t: US 6440735-A 1 27-AUG-2002;
     Location/Qualifiers
     1. .4015
     /organism="unknown"
     /mol_type="genomic DNA"


          99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
```

```
Qy      308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy      368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy      428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy      488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy      548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy      608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy      668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy      728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy      788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy      848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy      908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy      968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCC

Qy     1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy     1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy     1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy     1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy     1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy     1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy     1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
```

```
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


390                4015 bp    mRNA    linear   PAT 20-DEC-2002
nce 1 from patent US 6444650.
390
390.1  GI:27264905

wn.
wn.
ssified.
ases 1 to 4015)
T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
y,C.B. and Andrews,W.H.
ense compositions for detecting and inhibiting telomerase
se transcriptase
t: US 6444650-A 1 03-SEP-2002;
    Location/Qualifiers
    1. .4015
    /organism="unknown"
    /mol_type="mRNA"


         99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
```

```
Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
```

```
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

 April 21, 2004, 21:01:01
secs

```
               GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

eic search, using sw model

pril 21, 2004, 05:59:54 ; Search time 1441 Seconds
                           (without alignments)
                           11916.181 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-1
042
 gtttcaggcagcgctgcgtc..........aaaaaaaaaaaaaaaaaaa 4042

DENTITY_NUC
apop 10.0 , Gapext 1.0

373863 seqs, 2124099041 residues

its satisfying chosen parameters:      6747726

ngth: 0
ngth: 2000000000

Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

N_Geneseq_29Jan04:*
:  geneseqn1980s:*
:  geneseqn1990s:*
:  geneseqn2000s:*
:  geneseqn2001as:*
:  geneseqn2001bs:*
:  geneseqn2002s:*
:  geneseqn2003as:*
:  geneseqn2003bs:*
:  geneseqn2003cs:*
0:  geneseqn2004s:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES
%
uery
atch Length DB  ID                         Description
-------------------------------------------------------------
00.0   4042  2  AAV72117                   Aav72117 Human cat
99.6   4037  2  AAV22428                   Aav22428 Human tel
99.5   4023  2  AAV60320                   Aav60320 Human tel
99.3   4070  6  ABL53711                   Abl53711 Human tel
99.3   4015  2  AAZ00724                   Aaz00724 Human tel
99.3   4015  2  AAZ20279                   Aaz20279 Human tel
99.3   4015  2  AAZ30154                   Aaz30154 cDNA enco
99.3   4015  4  AAH45901                   Aah45901 Human hTE
99.3   4015  6  AAD46821                   Aad46821 Human tel
99.3   4015  6  ABA97534                   Aba97534 Cancer ce
99.3   4015  7  ACC58039                   Acc58039 Human tel
99.3   4015  7  ACC57552                   Acc57552 Human tel
99.3   4015  7  ABZ22474                   Abz22474 Human tel
99.3   4015  7  ACC44482                   Acc44482 Human tel
99.3   4015  2  AAZ08150                   Aaz08150 Human tel
99.3   4015  7  ABZ18391                   Abz18391 Group III
99.3   4027  2  AAX89424                   Aax89424 Human EST
99.3   4027  3  AAA29388                   Aaa29388 hEST2, a
99.3   4027  9  ADC47060                   Adc47060 Human TER
99.3   4027  9  ADE40481                   Ade40481 Human tel
98.0   3964  2  AAX18254                   Aax18254 Human tel
96.1   3955  2  AAV22379                   Aav22379 Human tel
95.8   3918  2  AAX18269                   Aax18269 Telomeras
```

```
    24    3872   95.8   3918  2  AAX18278                Aax18278
    25  3784.6   93.6   3798  2  AAV27876                Aav27876
    26    3661   90.6   3855  2  AAV22382                Aav22382
    27    3400   84.1   3453  7  ABZ76217                Abz76217
    28    3400   84.1  13766  6  AAD46790                Aad46790
    29    3399   84.1   3399  6  ABV78144                Abv78144
    30    3399   84.1   3399  6  ABZ35720                Abz35720
    31    3399   84.1   3399  6  ABX09963                Abx09963
    32    3399   84.1   3399  6  ABL91685                Abl91685
    33    3396   84.0   3396  4  AAH48235                Aah48235
    34    3396   84.0   3396  4  AAH49601                Aah49601
    35    3396   84.0   3396  4  AAH44366                Aah44366
    36  3392.8   83.9   3396  2  AAX18266                Aax18266
c   37    3388   83.8   8742  6  AAD46793                Aad46793
    38  3307.8   81.8   3543  7  ABZ69628                Abz69628
    39  3278.8   81.1   3500  2  AAX18275                Aax18275
    40  3201.4   79.2   3203  2  AAX18268                Aax18268
    41    3121   77.2   3167  2  AAX18271                Aax18271
    42    3121   77.2   3167  2  AAX18280                Aax18280
    43  3077.4   76.1   7688  2  AAX18351                Aax18351
    44    3073   76.0   3323  2  AAX18277                Aax18277
    45  2889.2   71.5   7797  2  AAX18350                Aax18350

                             ALIGNMENTS

RESULT 1
AAV72117
ID   AAV72117 standard; cDNA; 4042 BP.
XX
AC   AAV72117;
XX
DT   24-MAY-1999  (first entry)
XX
DE   Human catalytic telomerase sub-unit cDNA.
XX
KW   Human; catalytic telomerase subunit; therapy; diagnosis; hTC; as
KW   modulator; treatment; inhibit; cellular disorder; death; defect;
KW   ageing; antisense; neoplastic cell; telomerase-related conditior
KW   tumour cell; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             63. .3461
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "catalytic telomerase subunit"
XX
PN   WO9859040-A2.
XX
PD   30-DEC-1998.
XX
PF   09-JUN-1998;   98WO-EP003468.
XX
PR   20-JUN-1997;   97DE-01026329.
PR   26-MAR-1998;   98DE-01013274.
PR   14-APR-1998;   98DE-01016496.
XX
PA   (FARB ) BAYER AG.
XX
PI   Hagen G,  Siegmund H,  Weichel W,  Wick M,  Zubov D;
XX
DR   WPI; 1999-081276/07.
DR   P-PSDB; AAW90251.
XX
PT   New catalytically active subunit of human telomerase - used in t
PT   modulation of telomerase activity, particularly for treating can
PT   ageing.
XX
PS   Claim 4; Fig 1; 76pp; German.
XX
CC   This sequence encodes a novel human catalytic telomerase sub-uni
```

```
protein can be used in screening assays to identify
f telomerase and to treat or inhibit cellular disorders,
ts and/or other pathological processes involving telomerase,
 cancer and ageing (also suitable for this are agents that
nhibit or mimic the activity of the subunit). Antisense
is inhibit telomerase action (by binding to specific mRNA),
 in neoplastic cells and may be expressed in vivo. Antibodies
s of the protein, used as probes or primers, are used to
lomerase-related conditions (especially neoplasia) by (i)
normal levels of the subunit protein in body fluids or
(ii) by measuring the amount of the encoding nucleic acid.
f the nucleic acid encoding the subunit mRNA is confined to
, in contrast to the ubiquitous expression of the telomerase


2 BP; 684 A; 1364 C; 1277 G; 717 T; 0 U; 0 Other;

          100.0%;  Score 4042;  DB 2;  Length 4042;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

TTCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCG 60

ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCG 120

GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGC 180

CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCT 240

GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGC 300

GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCG 360

TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGC 420

AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGC 480

CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTG 540

CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCG 600

GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCG 660

CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG 720

GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC 780

Qy        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCC

Qy        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGAC

Qy        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCAT

Qy        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGG

Qy       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACA

Qy       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AGCTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTC

Qy       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCA

Qy       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTG

Qy       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTG

Qy       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 CCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCC

Qy       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 AGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCC

Qy       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCT

Qy       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGG

Qy       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 ATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCG

Qy       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTG

Qy       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCA

Qy       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGA

Qy       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGC

Qy       1861 AGCTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGA
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA 1920

          TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG 1980

          GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          GAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG 2040

          TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG 2100

          TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC 2160

          ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA 2220

          CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          CCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT 2280

          TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA 2340

          GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          GCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC 2400

          AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          AGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG 2460

          CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          CCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA 2520

          GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          GGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC 2580

          TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          TCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG 2640

          GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          GGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG 2700

          AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          AAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT 2760

          GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          GGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG 2820

          AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          AGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC 2880

          AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          AGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT 2940

          ACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2941 TCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCT

Qy        3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGT

Qy        3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 ACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGC

Qy        3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 CATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTG

Qy        3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGG

Qy        3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 GCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCAT

Qy        3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 TCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGA

Qy        3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCG

Qy        3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCC

Qy        3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 AGGCCGAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGA

Qy        3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 GGCGGCCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTT

Qy        3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT

Qy        3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT

Qy        3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGG

Qy        3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCA
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCA

Qy        3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTG

Qy        3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGG

Qy        3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTG

Qy        4021 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042
               ||||||||||||||||||||||
Db        4021 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4042
```

```
andard; cDNA; 4037 BP.


 (first entry)

erase reverse transcriptase encoding cDNA refined sequence.

nerase reverse transcriptase; hTRT; TRT; diagnosis; prognosis;
eration; cancer; ageing; ribonucleoprotein; ss.

3.

      Location/Qualifiers
      56. .3454
      /*tag=  a
      /product= "telomerase reverse transcriptase"
      /note= "refined sequence"

.

.


;   97GB-00020890.

;   96US-00724643.
;   97US-00844419.
;   97US-00846017.
;   97US-00851843.
;   97US-00854050.
;   97US-00911312.
;   97US-00912951.
;   97US-00915503.

ON CORP.
/ TECHNOLOGY CORP.

ingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harley CB;


71633/16.
56113.

combinant human Telomerase Reverse Transcriptase and its
are useful in the diagnosis, prognosis and treatment of cell
on conditions especially cancer and ageing.

Fig 74; 387pp; English.

 sequence encodes human telomerase reverse transcriptase
ch is a ribonucleoprotein. The present invention also
he following methods: (A) determining whether a test compound
tor of hTRT, by detecting the change in hTRT recombinant
polynucleotide, on administration of the compound; (B)
 of recombinant telomerase by contacting a protein preparation
n a telomerase RNA component; (C) detection of the hTRT RNA or
a sample by binding a relevant probe to the sample and
he complex formed or in the case of RNA detection, amplifying
 and correlating the presence of complex or amplification
n presence of hTRT in the sample; and (D) increasing the
on of a vertebrate cell by increasing hTRT expression; and (E)
an agent that causes an increase in cell vertebrate cell
on to create a medicament that inhibits ageing. A protein
 of hTRT and the polynucleotide encoding hTRT can be used in
cure of medicaments for inhibiting the effect of ageing or
ibitors of telomerase activity can be used to treat conditions
sociated with high telomerase activity. A protein preparation
 also be used in the new methods
```

```
SQ   Sequence 4037 BP; 682 A; 1362 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 4 Other;

  Query Match             99.6%;  Score 4027;  DB 2;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4027;  Conservative    4;  Mismatches    4;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGCCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
```

```
Qy     GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy     CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy     CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy     CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy     CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy     CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy     AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
Db     CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
```

```
Qy     2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAC

Qy     2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy     2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC

Qy     2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG

Qy     2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG

Qy     2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG

Qy     2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy     2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy     2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC

Qy     2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy     2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy     2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy     2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG

Qy     2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTC

Qy     2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG

Qy     3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC

Qy     3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA

Qy     3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC

Qy     3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAAAA 4027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAA 4042
|||||||||||||
AAAAAAAAAAAAA 4035



ndard; cDNA; 4023 BP.


 (first entry)

rase gene referred to as hEST2.

bunit; human; telomerase; telomere maintenance; diagnosis;
ancer; ss.
```

```
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             59. .3458
FT                   /*tag=  a
XX
PN   WO9837181-A2.
XX
PD   27-AUG-1998.
XX
PF   20-FEB-1998;   98WO-US003404.
XX
PR   20-FEB-1997;   97US-0038750P.
PR   20-MAY-1997;   97US-0047151P.
PR   01-AUG-1997;   97US-0054549P.
PR   14-AUG-1997;   97US-0055762P.
PR   30-OCT-1997;   97US-0064322P.
XX
PA   (WHED ) WHITEHEAD INST BIOMEDICAL RES.
XX
PI   Counter CM,  Meyerson M,  Weinberg RA;
XX
DR   WPI; 1998-495367/42.
DR   P-PSDB; AAW71376.
XX
PT   New isolated human telomerase catalytic sub-unit gene - used to
PT   products for increasing or reducing the life span of cells such
PT   cells or transformed cells.
XX
PS   Claim 5; Fig 5A-B; 96pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes the catalytic subunit of a human t
CC   holoenzyme. Disruption of the telomerase gene alters telomere
CC   maintenance. The DNA is essential for telomerase activity, and t
CC   protein is physically associated with telomerase and a constitu
CC   active telomerase complex. The products can be used for increas
CC   reducing the lifespan of cells such as cancer cells or transfor
CC   They can also be used in the diagnosis and treatment of maligna
CC   addition, cells with a longer lifespan can be transplanted into
CC   grafted onto an individual (e.g. as skin grafts, as systems for
CC   of therapeutic proteins, such as hormones and enzymes), to whom
CC   provide therapeutic benefit
XX
SQ   Sequence 4023 BP; 668 A; 1363 C; 1277 G; 715 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.5%;  Score 4019.8;  DB 2;  Length 4023;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4021;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;

Qy          5 CAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CAGGCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCC

Qy         65 GCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCG

Qy        125 GCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGT

Qy        185 CGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCC

Qy        245 CGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGA

Qy        305 GGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTT
```

```
Qy            GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAG 424
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAG 420

Qy            CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCT 484
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db            CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGTT 480

Qy            CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCT 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCT 540

Qy            GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGC 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGC 600

Qy            TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACG 664
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACG 660

Qy            CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGC 724
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGC 720

Qy            GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGG 784
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGG 780

Qy            TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAG 844
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAG 840

Qy            GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGA 904
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGA 900

Qy            CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCG 964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCG 960

Qy            GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTG 1024
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTG 1020

Qy            CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCT 1084
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCT 1080

Qy            GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGT 1144
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGT 1140

Qy            GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCG 1204
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCG 1200

Qy            GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGC 1264
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGC 1260

Qy            GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCC 1324
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCC 1320

Qy            AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGA 1384
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGA 1380

Qy            CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGT 1444
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGT 1440

Qy            CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAG 1504
```

```
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGG

Qy       1505 GCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAA

Qy       1565 CAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db       1561 CAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGGCTGCGCTTG

Qy       1625 CAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGA

Qy       1685 GGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 GGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTC

Qy       1745 TTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAG

Qy       1805 GAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 GAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCG

Qy       1865 GTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTC

Qy       1925 CCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGT

Qy       1985 AGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 AGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAA

Qy       2045 GTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 GTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTC

Qy       2105 GGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGC

Qy       2165 CCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACAC

Qy       2225 CCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 CCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTA

Qy       2285 GCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 GCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTC

Qy       2345 CCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCAC

Qy       2405 GGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAAT

Qy       2465 CAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGC

Qy       2525 GGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGCTCCATCCTCTCCACG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCT 2580

GCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGG 2644
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGG 2640

TGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAA 2704
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAA 2700

CCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCG 2764
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCG 2760

AGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCA 2824
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCA 2820

TGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGA 2884
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGA 2880

TGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAA 2944
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAA 2940

GCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAA 3004
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAA 3000

GTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACAT 3064
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACAT 3060

ACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATT 3124
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATT 3120

ATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTC 3184
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTC 3180

TCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGC 3244
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGC 3240

CCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAA 3304
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAA 3300

TGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGAC 3364
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGAC 3360

AGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCC 3424
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCC 3420

CACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGC 3484
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGC 3480

AGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCG 3544
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCG 3540

CCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGC 3604
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGC 3600

GCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGG 3664
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGG 3660
```

```
Qy       3665 GCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGC

Qy       3725 CCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 CCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAAT

Qy       3785 TCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 TCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCC

Qy       3845 TCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 TCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACC

Qy       3905 GTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 GTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCA

Qy       3965 GGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAA

Qy       4025 AAA 4027
              |||
Db       4021 AAA 4023


RESULT 4
ABL53711
ID   ABL53711 standard; cDNA; 4070 BP.
XX
AC   ABL53711;
XX
DT   17-JUN-2002  (first entry)
XX
DE   Human telomerase catalytic subunit hTERT cDNA.
XX
KW   hTERT; telomerase; reverse transcriptase; immortalisation; huma
KW   vaccine; enzyme; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200216555-A2.
XX
PD   28-FEB-2002.
XX
PF   17-AUG-2001; 2001WO-GB003726.
XX
PR   17-AUG-2000; 2000GB-00020246.
PR   17-AUG-2000; 2000US-0225734P.
XX
PA   (UYWA-) UNIV WALES COLLEGE OF MEDICINE.
XX
PI   Jones CJ,  Kipling DG,  Wilkinson G,  Mcsharry B,  Skinner JW;
XX
DR   WPI; 2002-315462/35.
XX
PT   Novel hTERT-immortalized cell line (human telomerase reverse
PT   transcriptase) useful for human vaccine production and preparati
PT   antigen, such as a virus or virus-derived agent.
XX
PS   Example 1; Fig 1; 64pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of hTERT cDNA in plasmid pGRN121. I
CC   the catalytic subunit of human telomerase. Claimed immortalised
CC   lines for use in vaccine production are adapted to express hTERT
CC   Suitable cell lines comprise human diploid fibroblasts, e.g. MRC
CC   WI38 cells, transfected with hTERT cDNA or infected by a retrovi
CC   carrying hTERT cDNA, and are capable of supporting antigen produ
CC   method for preparing such cell lines using recombinant technique
```

```
e cell lines are also used as a diagnostic test for the
 a virus, such as human cytomegalovirus, and to determine the
 antiviral agents by testing the capability of a modified
ning a reporter gene to infect the cells. The cell lines have
  which can be impaired in cell lines immortalised by other
 being able to support viral replication. The cells remain
lly suitable for viral/vaccine cultivation

0 BP; 670 A; 1383 C; 1296 G; 721 T; 0 U; 0 Other;

          99.3%;  Score 4015.4;  DB 6;  Length 4070;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATG 65
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATG 78

CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTG 125
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTG 138

CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGC 185
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGC 198

GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGAC 245
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGAC 258

CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTG 305
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTG 318

CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTC 365
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTC 378

CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGC 425
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGC 438

CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTG 485
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTG 498

CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTG 545
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTG 558

GCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCC 605
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCC 618

CAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGG 665
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGG 678

TGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCG 725
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCG 738

AGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGC 785
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGC 798

GCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGG 845
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGG 858

CGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAA 905
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAA 918
```

```
Qy        906 GCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        919 GCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTG

Qy        966 CAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        979 CAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACG

Qy       1026 CCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1039 CCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAG

Qy       1086 CGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1099 CGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGG

Qy       1146 GAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1159 GAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTG

Qy       1206 CTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1219 CTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAAC

Qy       1266 CAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1279 CAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTC

Qy       1326 GCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1339 GCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAG

Qy       1386 GACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1399 GACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGG

Qy       1446 TACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1459 TACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGC

Qy       1506 CACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1519 CACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAG

Qy       1566 AAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1579 AAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGG

Qy       1626 AGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1639 AGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAG

Qy       1686 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1699 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCT

Qy       1746 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1759 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG

Qy       1806 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1819 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG

Qy       1866 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1879 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA

Qy       1926 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1939 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG
```

```
AGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2045
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2058

AGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTG 2105
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTG 2118

CTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGAC 2165
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGAC 2178

CCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCC 2225
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCC 2238

GACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTG 2285
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTG 2298

CGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGC 2345
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGC 2358

GTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG 2405
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG 2418

ACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCC 2465
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCC 2478

AGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGG 2525
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGG 2538

AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTC 2585
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTC 2598

AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGG 2645
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGG 2658

CTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAA 2705
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAA 2718

TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGG 2765
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGG 2778

ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAG 2825
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAG 2838

CCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAG 2885
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAG 2898

CAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAAC 2945
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAAC 2958

GGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAG 3005
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAG 3018

CACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATC 3065
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATC 3078

AAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTT 3125
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3079 TACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTC

Qy          3126 CATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3139 CATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACG

Qy          3186 CTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3199 CTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAG

Qy          3246 GCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3259 GCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTG

Qy          3306 CTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3319 CTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCC

Qy          3366 CAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3379 CAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCC

Qy          3426 GCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3439 GCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGC

Qy          3486 GAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3499 GAGAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAG

Qy          3546 CCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3559 CCCACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCC

Qy          3606 TGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3619 TGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGC

Qy          3666 CTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3679 CTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCT

Qy          3726 CAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3739 CAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATA

Qy          3786 CCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3799 CCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCC

Qy          3846 CCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3859 CCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCA

Qy          3906 TGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3919 TGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAA

Qy          3966 GGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3979 GGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAA
```

```
RESULT 5
AAZ00724
ID   AAZ00724 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ00724;
XX
DT   06-OCT-1999  (first entry)
XX
DE   Human telomerase catalytic domain DNA.
```

```
catalytic domain; human; quantitation; tumour cell; melanoma;
metastases; T-cell lymphoblastoma; chronic myeloid leukemia;
tic leukemia; melanoma; pulmonary carcinoma; colon cancer;
r; ss.

.

l.



  98DE-01004372.

  98DE-01004372.

 M W.



1408/37.

tumor cells by amplifying mRNA encoding the catalytic subunit
e.

 1A-B; 26pp; German.

on describes a novel method for the quantitation of tumour
ody fluid which comprises (1) enrichment or isolation of
 in the sample, (2) amplification of mRNA from these cells
 the catalytic subunit of telomerase and (3) quantifying the
plified mRNA. The method is applied to tumour cells derived
metastases, e.g. associated with a wide range of tumours such
mphoblastoma, chronic myeloid or acute lymphatic leukemia,
lmonary carcinoma, cancer of colon or breast etc. This
odes a human telomerase protein catalytic domain

5 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

         99.3%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy    488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy    548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy    608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy    668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy    728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy    788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy    848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy    908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy    968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy   1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy   1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy   1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy   1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy   1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy   1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy   1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG

Qy   1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC

Qy   1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
```

```
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640
```

```
Qy         2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG

Qy         2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy         2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy         2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy         3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy         3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



ndard; cDNA; 4015 BP.


 (first entry)

rase reverse transcriptase (hTRT) cDNA.

everse transcriptase; human; hTRT; cell proliferation;

.

    Location/Qualifiers
    56. .3454
    /*tag=  a

.



   99WO-US007097.

   98US-00052864.
   98US-00128354.

N CORP.



0842/52.
2090.

c polypeptide and polynucleotide, useful for increasing
tivity in a cell.

Fig 2; 24pp; English.

nucleotide sequence of cDNA encoding human telomerase reverse
e (hTRT, see AAY32090). Human telomerase is a target for
nd treating diseases relating to cell proliferation and
such as cancer, or for increasing the proliferative capacity
 claimed method for increasing the proliferative capacity of
 cell, especially a human or other mammalian cell, involves
into the cell a recombinant hTRT polynucleotide encoding an
 in which residues 192-323, 200-323, 192-271, 200-271, 222-
, 192-323 and 415-450, or 192-271 and 415-450 are deleted. A
od for reducing telomerase activity in a cell involves
a recombinant polynucleotide encoding an hTRT variant having
f amino acids 192-450, 560-565, 637-660, 638-660, 748-764 or
he polynucleotides are obtained by mutagenesis of the hTRT
```

```
CC   coding sequence
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy        2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy        2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy        2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy        2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy        2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy        2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy        2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy        2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy        2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy        2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy        2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy        2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy        2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy        2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy        2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy        3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy        3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy        3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
```

```
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


ndard; cDNA; 4015 BP.


  (first entry)

g a human telomerase reverse transcriptase (TRT).

erase reverse transcriptase; TRT; T lymphocyte activation;
ll; telomerase activity; cancer cell; proliferating cell;
l destruction; telomerase; cancer; proliferation disease; ss.

.
```

```
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO9950392-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   30-MAR-1999;   99WO-US006898.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-0112006P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Gaeta FCA;
XX
DR   WPI; 1999-610845/52.
DR   P-PSDB; AAY43621.
XX
PT   Eliciting an in vivo immune response for prevention and treatme
PT   cancers.
XX
PS   Disclosure; Fig 2; 26pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes a human telomerase reverse transcr
CC   (TRT) polypeptide. The protein is used in the method of the inv
CC   The specification describes a method for activating a T lymphoc
CC   comprising contacting the T lymphocyte with a dendritic cell th
CC   expresses a TRT peptide in the context of a MHC class I or MHC
CC   molecule. The protein causes induction of an in vivo immunologi
CC   response to telomerase activity. Cancer cells are characterized
CC   expression of endogenous TRT gene and the presence of detectabl
CC   telomerase activity. Therefore, by eliciting a specific immune
CC   to TRT or to TRT-expressing cells, it is possible to selectivel
CC   proliferating cells for immunological destruction. The method i
CC   eliciting an in vivo immune response to telomerase by activatin
CC   lymphocyte, and is useful for prevention and treatment of cance
CC   other proliferation diseases/conditions
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
```

```
Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
```

```
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
RESULT 8
AAH45901
ID   AAH45901 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   AAH45901;
XX
DT   06-SEP-2001  (first entry)
XX
DE   Human hTERT gene.
XX
KW   Human; hTERT; telomerase; catalytic subunit; mRNA quantitation;
KW   detection; beta-region; diagnosis; cancer; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   exon            1. .274
FT                   /*tag=  a
FT                   /number= 1
FT   exon            275. .1628
FT                   /*tag=  b
FT                   /number= 2
FT   exon            1629. .1824
FT                   /*tag=  c
FT                   /number= 3
FT   exon            1825. .2005
FT                   /*tag=  d
FT                   /number= 4
FT   exon            2006. .2185
FT                   /*tag=  e
FT                   /number= 5
FT   exon            2186. .2341
FT                   /*tag=  f
FT                   /number= 6
FT   primer_bind     complement(2309. .2325)
FT                   /*tag=  g
FT                   /note= "primer SYC1076 (AAH45902) binding site"
FT   primer_bind     complement(2311. .2325)
FT                   /*tag=  h
FT                   /note= "primer SYC1118 (AAH45905) binding site"
FT   exon            2342. .2437
FT                   /*tag=  i
FT                   /number= 7
FT   misc_binding    complement(2345. .2374)
FT                   /*tag=  j
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS3"
FT                   /note= "AAH45908"
FT   misc_binding    complement(2427. .2456)
FT                   /*tag=  k
```

```
     /bound_moiety= "hybridisation probe CS12"
     /note= "AAH45906"
     2438. .2523
     /*tag= l
     /number= 8
     complement(2458. .2487)
     /*tag= m
     /bound_moiety= "hybridisation probe CS1"
     /note= "AAH45907"
     2489. .2506
     /*tag= n
     /note= "primer SYC1097 (AAH45904) binding site"
     2524. .2637
     /*tag= o
     /number= 9
     2615. .2631
     /*tag= p
     /note= "primer SYC1078 (AAH45903) binding site"
     2638. .2709
     /*tag= q
     /number= 10
     2710. .2898
     /*tag= r
     /number= 11
     2899. .3025
     /*tag= s
     /number= 12
     3026. .3087
     /*tag= t
     /number= 13
     3088. .3212
     /*tag= u
     /number= 14
     3213. .3350
     /*tag= v
     /number= 15
     3351. .4015
     /*tag= w
     /number= 16


  2000EP-00127228.

    99US-00465491.

MANN LA ROCHE & CO AG F.

antini CD;

6930/40.

 expression of mRNA encoding hTERT, the catalytic subunit of
as an indicator of cancer, by amplifying RNA using primers
y to hTERT gene sequence and quantitating amplified products.

e 5-7; 29pp; English.

sequence is that of the hTERT gene encoding the catalytic
he human telomerase, comprising 16 exons, which is useful in
 quantitating hTERT mRNA. The method is useful for detecting
 of beta-region (a 182 nucleotide region consisting of exons
the hTERT-mRNA in a human sample for diagnosis and prognosis
he method provides an accurate measure of telomerase activity
ly measuring mRNA that encodes an active hTERT protein

5 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

          99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGATGCGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCT

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG
```

```
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy          2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy          2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy          2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy          2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy          2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy          2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy          2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy          2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy          2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy          2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy          2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy          2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy          2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG

Qy          3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC

Qy          3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA

Qy          3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC

Qy          3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC

Qy          3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


andard; cDNA; 4015 BP.


 (first entry)

erase reverse transcriptase (TERT) cDNA.

e antigen; alpha(1,3)galactosyltransferase; alpha1,3GT; TERT;
 alpha(1,2)fucosyltransferase; alpha1,2FT; human; enzyme;
reverse transcriptase; gene; ss.

3.

     Location/Qualifiers
     56..3454
     /*tag=  a
     /product= "Human telomerase reverse transcriptase"

-A2.
```

```
XX
PD   26-SEP-2002.
XX
PF   21-MAR-2002; 2002WO-CA000378.
XX
PR   21-MAR-2001; 2001US-0277811P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Denning C,  Clark AJ,  Schiff JM;
XX
DR   WPI; 2002-759895/82.
DR   P-PSDB; AAE29226.
XX
PT   Mammalian cells, useful for producing animal tissues with carbo
PT   antigens that are compatible for transplantation into human pat
XX
PS   Disclosure; Page 33-34; 71pp; English.
XX
CC   The invention relates to animal tissues with carbohydrate antig
CC   are compatible for transplantation into human patients. The mam
CC   cell is inactivated homozygously for expression of alpha(1,3)ga
CC   transferase (alpha1,3GT) gene and comprises a transgene for alp
CC   fucosyltransferase (alpha1,2FT). It is useful for producing ani
CC   with carbohydrate antigens that are compatible for transplantat
CC   human patients. The present sequence is human telomerase revers
CC   transcriptase (TERT) cDNA used in the invention
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
```

```
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
```

```
Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
```

```
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA


RESULT 10
ABA97534
ID   ABA97534 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   ABA97534;
XX
DT   05-APR-2002  (first entry)
XX
DE   Cancer cell discrimination method related human DNA.
XX
KW   Human; telomerase; enzyme; cancer cell discrimination; gene;
KW   reverse transcriptase; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   JP2001309791-A.
XX
PD   06-NOV-2001.
XX
PF   02-MAY-2000; 2000JP-00138250.
XX
PR   02-MAY-2000; 2000JP-00138250.
XX
PA   (KANE/) KANEUCHI H.
PA   (KAMI/) KAMIMORI M.
XX
DR   WPI; 2002-134853/18.
XX
PT   Discrimination of a cancer cell in a sample tissue, comprises d
PT   the expression level of a reverse transcriptase component of te
PT   using a hybridization assay.
XX
PS   Claim 2; Page 9-10; 16pp; Japanese.
XX
CC   The present invention relates to a method for the discriminatio
CC   cancer cell in a sample tissue, which involves determining the
CC   level of a reverse transcriptase component of telomerase in a c
CC   constituting the sample tissue by an in situ hybridization of t
CC   the enzyme, and judging a cell showing a higher expression leve
CC   that of the reverse transcriptase component of telomerase in a
CC   cell to be a cancer cell. The present sequence is a human DNA u
CC   exemplification of the invention
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy          GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy          AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy          GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy          GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy          CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy          TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy          GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy          GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 967
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 960

Qy          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCTTGTCC 1027
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy     1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy     1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy     1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy     1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy     1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy     1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy     1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy     1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy     1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy     1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy     1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy     1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA

Qy     2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG

Qy     2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG

Qy     2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy     2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC

Qy     2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG

Qy     2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
```

```
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
```

```
Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 11
ACC58039
ID   ACC58039 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   ACC58039;
XX
DT   11-AUG-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase cDNA.
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; TERT; enzyme; RNA interferenc
KW   short interfering RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contr
KW   immunosuppressive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
KW   antiinflammatory; human; gene therapy; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TERT"
XX
PN   WO2003035667-A2.
XX
PD   01-MAY-2003.
XX
PF   16-OCT-2002; 2002WO-US033065.
XX
PR   22-OCT-2001; 2001US-0345326P.
PR   20-FEB-2002; 2002US-0359196P.
PR   22-MAY-2002; 2002US-0383195P.
XX
PA   (UYRP ) UNIV ROCHESTER.
XX
PI   Rowley PT;
XX
```

```
03336/38.
42384.

e-stranded short interfering RNA having sense and antisense
ds which are complementary to each other and to target nucleic
telomerase RNA or mRNA encoding telomerase reverse
se.

 Fig 3A-B; 37pp; English.

 sequence is that of human telomerase reverse transcriptase
. The invention relates to the discovery that double-stranded
 RNAs, such as short interfering RNAs (siRNA), which target
RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting telomerase
nhibition of telomerase in cancer cells leads to telomere
 end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Interference of
activity can also be used for treatment of infertility, for
on or sterilisation, for immunosuppression, for treatment of
site and fungal infections, and in antiinflammatory therapies.
se is active in a limited number of cell types, e.g. tumour
line cells, certain stem cells of the haematopoietic system, T
, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most normal
ot affected by telomerase RNA interference therapy

15 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

          99.3%;  Score 4015;  DB 7;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
```

```
Qy          668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGG

Qy          728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGC

Qy          788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGG

Qy          848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCG

Qy          908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGG

Qy          968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGC

Qy         1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGC

Qy         1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGC

Qy         1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGC

Qy         1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACC

Qy         1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCA

Qy         1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGG

Qy         1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGC

Qy         1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT

Qy         1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy         1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy         1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy         1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
```

```
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGC

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy         3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy         3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy         3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy         3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy         3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



andard; cDNA; 4015 BP.



  (first entry)

erase reverse transcriptase cDNA.

reverse transcriptase; TERT: enzyme; RNA interference;
fering RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contraceptive;
essive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
atory; human; gene therapy; gene; ss.

s.

     Location/Qualifiers
     56. .3454
     /*tag=  a
     /product= "TERT"

5-A2.

.

; 2002WO-US033146.

; 2001US-0345326P.
; 2002US-0359196P.
; 2002US-0383195P.

V ROCHESTER.



03289/38.
42063.

ic acid encoding or comprising interfering RNAs which target
RNA, useful for inhibiting telomerase activity for treating
ertility and disorders of the immune system.

 Fig 3; 52pp; English.

 sequence is that of human telomerase reverse transcriptase
. The invention relates to the discovery that double-stranded
 RNAs, such as short interfering RNAs (siRNA), which target
RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting telomerase
nhibition of telomerase in cancer cells leads to telomere
 end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Interference of
activity can also be used for treatment of infertility, for
on or sterilisation, for immunosuppression, for treatment of
site and fungal infections, and in antiinflammatory therapies.
se is active in a limited number of cell types, e.g. tumour
line cells, certain stem cells of the haematopoietic system, T
, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most normal
ot affected by telomerase RNA interference therapy

15 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

          99.3%;  Score 4015;  DB 7;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
```

```
Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTG

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCC

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGC

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
```

```
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


andard; cDNA; 4015 BP.


  (first entry)

erase reverse transcriptase encoding cDNA SEQ ID NO:1.

merase reverse transcriptase; enzyme; hTERT; chromosome 5;
antiulcer; epithelial cell migration promoter; wound;
ion; skin wound; lesion; burn; surgical incision; ulcer;
cell; keratinocyte; epidermal; mucosal; gene; ss.

s.

     Location/Qualifiers
     56..3454
     /*tag=  a
     /product= "human telomerase reverse transcriptase"

-A2.
```

```
PD   21-NOV-2002.
XX
PF   09-MAY-2002; 2002WO-US014867.
XX
PR   09-MAY-2001; 2001US-0289903P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Jiang X,  Chiu C,  Harley CB;
XX
DR   WPI; 2003-120591/11.
DR   P-PSDB; ABP56676.
XX
PT   Composition for treating wounds and enhancing epithelization o
PT   surface, comprises vector encoding telomerase reverse transcri
PT   telomerized epithelial cells on a microparticle or a matrix.
XX
PS   Disclosure; Page 31-32; 68pp; English.
XX
CC   The present invention describes a pharmaceutical composition (
CC   comprising a vector encoding telomerase reverse transcriptase
CC   an excipient or device, or comprises telomerised epithelial ce
CC   microparticle or a matrix suitable for topical administration
CC   administration to a wound site. (I) has vulnerary and antiulce
CC   activities and can be used to promote epithelial cell migratio
CC   useful for treating a wound and enhancing epithelisation of a
CC   surface. The wound is especially skin wound including acute le
CC   as traumatic lesion, burn, or surgical incision, chronic lesio
CC   chronic venous ulcer, diabetic ulcer or compression ulcer and t
CC   is further monitored for closure. The telomerase activity or T
CC   expression is increased in epithelial cells at the site of tre
CC   also in fibroblasts or endothelial cells at the site of treatm
CC   epithelial cells are especially keratinocytes. A polynucleotid
CC   TERT is useful for the preparation of a medicament for treatme
CC   wound or an epithelial surface in a human or animal. An epithe
CC   with increased telomerase activity or increased expression of
CC   useful for preparation of a medicament for the treatment of a
CC   human or animal. (I) is also useful for treating wounds of othe
CC   epidermal surfaces including mucosal surfaces such as bronchus,
CC   nose, oesophagus, stomach, or intestine. The present sequence
CC   human TERT (hTERT), which is given in the exemplification of t
CC   invention. hTERT is located to chromosome 5
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 7;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
```

```
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
```

```
Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA


RESULT 14
ACC44482
ID   ACC44482 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   ACC44482;
XX
DT   29-AUG-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase gene.
XX
KW   Gene; ds; human; telomerase reverse transcriptase; adipogenic c
KW   primary preadipocyte cell; adipogenesis; obesity; adipocytokine
KW   anorectic; adiponectin; insulin.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO2003031640-A2.
XX
PD   17-APR-2003.
XX
PF   07-OCT-2002; 2002WO-US031635.
XX
PR   06-OCT-2001; 2001US-0327650P.
PR   06-OCT-2001; 2001US-0327651P.
XX
PA   (BOST-) BOSTON MEDICAL CENT CORP.
XX
PI   Kirkland J,  Tchkonia T;
XX
DR   WPI; 2003-421278/39.
DR   P-PSDB; ABR58045.
XX
PT   New primary preadipocyte strain expressing telomerase reverse
PT   transcriptase, useful in research applications, screening assay
PT   clinical applications, and in the administration of therapeutic
PT   particularly for obesity.
XX
PS   Disclosure; Page 11-13; 53pp; English.
XX
CC   The invention relates to the generation of primary preadipocyte
CC   strains that expresse telomerase reverse transcriptase (TERT- t
CC   catalytic subunit of telomerase), and maintain and/or enhance r
```

```
nd maintain adipogenic capacity of the cell. This sequence
 the gene encoding the TERT protein. The cell strain can be
earch to study all aspect of adipogenesis, especially in
 researching treatments for e.g. obesity. The cell can also be
ntify adipogenesis modulators for use as therapeutic agents
mones, growth factors, cytokines, enzymes, cholesterol binding
holesterol removing proteins or their combinations.
ly, the therapeutic agent may be an adipocytokine, preferably
, or insulin

15 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

            99.3%;  Score 4015;  DB 7;  Length 4015;
ilarity    100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
```

```
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCG

Qy       908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGG

Qy       968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGC

Qy      1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGC

Qy      1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGC

Qy      1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGC

Qy      1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACC

Qy      1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCA

Qy      1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGG

Qy      1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGC

Qy      1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCT

Qy      1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC

Qy      1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGC

Qy      1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGA

Qy      1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTT

Qy      1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTG

Qy      1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGG

Qy      1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCA

Qy      1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCG
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
```

```
Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 15
AAZ08150
ID   AAZ08150 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ08150;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
```

```
erase reverse transcriptase cDNA.

erase reverse transcriptase; hTRT; telomerase; hEST2;
rotein component; cell proliferative capacity;
ality; neoplastic phenotype; diagnostic application;
application; telomerase related condition; cancer;
 agent; telomerase expression; telomerase activity; ds.

s.

     Location/Qualifiers
     56. .3454
     /*tag=  a
     /product= "Human telomerase reverse transcriptase"
     /transl_except= (pos:1877. .1879, aa:Gln)

1.

.

;   99WO-US007160.

;   98US-00052919.

ON CORP.
V TECHNOLOGY CORP.

ingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harley CB;


10834/52.
28881.

olynucleotides for human telomerase reverse transcriptase used
ing or treating cancer.

g 1; 31pp; English.

 sequence encodes for human telomerase reverse transcriptase
s is the catalytic protein component of telomerase and is also
 as hEST2. This correlates with cell proliferative capacity,
ality, and the development of a neoplastic phenotype. Human
se oligonucleotides are useful for diagnostic or prognostic
s to telomerase related conditions, including cancer. They are
 as therapeutic agents, for inhibition of telomerase
and activity

15 BP; 663 A; 1364 C; 1274 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

          99.3%;  Score 4013.4;  DB 2;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
```

```
Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
```

```
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCACCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy         2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy         2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy         2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy         2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy         2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy         2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


: April 21, 2004, 16:45:44
secs
```

```
               GenCore version 5.1.6
      Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

ıeic search, using sw model

\pril 21, 2004, 06:41:59 ; Search time 262 Seconds
                            (without alignments)
                            8561.494 Million cell updates/sec

JS-09-424-686F-1
1042
l gtttcaggcagcgctgcgtc.........aaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 4042

:DENTITY_NUC
3apop 10.0 , Gapext 1.0

582709 seqs, 277475446 residues

ıits satisfying chosen parameters:      1365418

ength: 0
ength: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 Issued_Patents_NA:*
.:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/5A_COMB.seq:*
2:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/5B_COMB.seq:*
3:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
1:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
5:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
5:  /cgn2_6/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*

.s the number of results predicted by chance to have a
:er than or equal to the score of the result being printed,
.ved by analysis of the total score distribution.

                          SUMMARIES
 %
Query
Match Length DB  ID                         Description
---------------------------------------------------------------
 99.7   4037  3  US-08-974-549A-343          Sequence 343, App
 99.7   4037  4  US-09-402-181B-343          Sequence 343, App
 99.7   4037  4  US-09-721-456-343           Sequence 343, App
 99.3   4015  3  US-08-851-843A-224          Sequence 224, App
 99.3   4015  3  US-08-974-549A-1            Sequence 1, Appli
 99.3   4015  3  US-08-854-050-224           Sequence 224, App
 99.3   4015  4  US-09-430-323-224           Sequence 224, App
 99.3   4015  4  US-09-572-423B-3            Sequence 3, Appli
 99.3   4015  4  US-09-128-354-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-675-321-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-052-919-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-08-912-951-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-733-294A-3            Sequence 3, Appli
 99.3   4015  4  US-09-402-181B-1            Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-721-456-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-953-052-1             Sequence 1, Appli
 99.3   4015  4  US-09-465-491-1             Sequence 1, Appli
 95.7   4029  3  US-08-851-843A-173          Sequence 173, App
 95.7   4029  3  US-08-974-549A-292          Sequence 292, App
 95.7   4029  3  US-08-854-050-173           Sequence 173, App
 95.7   4029  4  US-09-430-323-173           Sequence 173, App
 95.7   4029  4  US-09-402-181B-292          Sequence 292, App
 95.7   4029  4  US-09-721-456-292           Sequence 292, App
 90.6   3855  3  US-08-974-549A-4            Sequence 4, Appli
 90.6   3855  4  US-08-912-951-4             Sequence 4, Appli
 90.6   3855  4  US-09-402-181B-4            Sequence 4, Appli
 90.6   3855  4  US-09-721-456-4             Sequence 4, Appli
```

```
  28  2205.2   54.6   3451  3  US-08-974-549A-721        Sequence
  29  2205.2   54.6   3451  4  US-09-721-456-721         Sequence
  30  2200.8   54.4   3396  3  US-08-974-549A-639        Sequence
  31  2200.8   54.4   3396  4  US-09-721-456-639         Sequence
  32  2196.6   54.3   3396  3  US-08-974-549A-638        Sequence
  33  2196.6   54.3   3396  4  US-09-721-456-638         Sequence
  34  1980.4   49.0   2176  3  US-08-974-549A-3          Sequence
  35  1980.4   49.0   2176  4  US-08-912-951-3           Sequence
  36  1980.4   49.0   2176  4  US-09-402-181B-3          Sequence
  37  1980.4   49.0   2176  4  US-09-721-456-3           Sequence
  38  1897.2   46.9   2171  3  US-08-851-843A-100        Sequence
  39  1897.2   46.9   2171  3  US-08-974-549A-266        Sequence
  40  1897.2   46.9   2171  3  US-08-854-050-100         Sequence
  41  1897.2   46.9   2171  4  US-09-430-323-100         Sequence
  42  1897.2   46.9   2171  4  US-09-402-181B-266        Sequence
  43  1897.2   46.9   2171  4  US-09-721-456-266         Sequence
  44  1862.2   46.1   3396  3  US-08-974-549A-642        Sequence
  45  1862.2   46.1   3396  4  US-09-721-456-642         Sequence

                          ALIGNMENTS


RESULT 1
US-08-974-549A-343
; Sequence 343, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
```

```
TE:  14-AUG-1997
CATION DATA:
ON NUMBER:  US 08/915,503
TE:  14-AUG-1997
CATION DATA:
ON NUMBER:  WO PCT/US97/17618
TE:  01-OCT-1997
CATION DATA:
ON NUMBER:  WO PCT/US97/17885
TE:  01-OCT-1997
ENT INFORMATION:
ole, Randolph Ted
ION NUMBER:  36,429
/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
CATION INFORMATION:
:  (415) 576-0200
 (415) 576-0300
OR SEQ ID NO:  343:
ARACTERISTICS:
4037 base pairs
cleic acid
ESS:  single
 linear
PE:  cDNA

 CDS
 56..3454
ORMATION:  /note= "refined sequence of hTRT cDNA"
43

          99.7%;  Score 4028.6;  DB 3;  Length 4037;
ilarity   99.8%;  Pred. No. 0;
 Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
```

```
Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
```

```
Qy         GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy         CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
Db         CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

Qy         GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy         AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy         CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy         AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy         CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy         GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy         GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy         CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy         GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy         CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy         CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy         TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy         GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy         CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy         CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy         CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy         AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC
              |||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC
              ||||||||||||||||||||||:||||||||||:|||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAA 4027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAA 4042
||||||||||||
AAAAAAAAAAAA 4035



3
pplication US/09402181B
839
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin B.
   Andrews, William H.
 INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
F SEQUENCES: 633
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: USA
: 94111-3834
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/402,181B
ING DATE: 29-Sep-1997
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/911,312
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/912,951
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/915,503
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
ING DATE: 01-OCT-1997
/AGENT INFORMATION:
E: Ausenhus, Scott L.
ISTRATION NUMBER: 42,271
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 343:
 CHARACTERISTICS:
```

```
;          LENGTH: 4037 base pairs
;          TYPE: nucleic acid
;          STRANDEDNESS: single
;          TOPOLOGY: linear
;     MOLECULE TYPE: cDNA
;     FEATURE:
;          NAME/KEY:  CDS
;          LOCATION:  56..3454
;          OTHER INFORMATION:  /note= "refined sequence of hTRT c
;     SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:
US-09-402-181B-343

  Query Match             99.7%;  Score 4028.6;  DB 4;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4028;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy         TCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy         CACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy         GTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy         TCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy         ATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         ATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy         CAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy         CCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy         GGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy         GACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy         TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy         GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy         TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy         CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy         TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy         ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
Db         ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

Qy         TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy         GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy         ATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy    1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA

Qy    2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG

Qy    2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG

Qy    2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy    2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC

Qy    2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG

Qy    2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG

Qy    2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG

Qy    2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy    2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy    2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC

Qy    2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy    2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy    2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy    2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG

Qy    2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTC

Qy    2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG

Qy    3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
```

```
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAA 4027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAAA 4042
||||||||||||||
AAAAAAAAAAAAAA 4035
```

```
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph Ted
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4037 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /note= "refined sequence of hTRT cl
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:
US-09-721-456-343

  Query Match            99.7%;  Score 4028.6;  DB 4;  Length 4037;
  Best Local Similarity  99.8%;  Pred. No. 0;
```

```
Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
```

```
Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTC

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
```

```
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC

Qy        3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG

Qy        3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC

Qy        3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAG

Qy        3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG

Qy        3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC
               |||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC
               |||||||||||||||||||||||:|||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAG

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAA

Qy        4028 AAAAAAAAAAAAAAA 4042
               |||||||||||||||
Db        4021 AAAAAAAAAAAAAAA 4035


RESULT 4
US-08-851-843A-224
; Sequence 224, Application US/08851843A
; Patent No. 6093809
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6093809el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
```

```
 Francisco
lifornia
Jnited States of America
1
DABLE FORM:
E:  Floppy disk
 IBM PC compatible
SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
 PatentIn Release #1.0, Version #1.30
ICATION DATA:
N NUMBER:  US/08/851,843A
E:  06-MAY-1997
TION:
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/846,017
E:  25-APR-1997
TION:
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/844,419
E:  18-APR-1997
TION:
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/724,643
E:  01-OCT-1996
TION:
NT INFORMATION:
le,  Randolph T.
ON NUMBER:  36,429
DOCKET NUMBER:  015389-002930US
ATION INFORMATION:
  (415) 576-0200
(415) 576-0300
R SEQ ID NO:  224:
RACTERISTICS:
015 base pairs
leic acid
SS:  single
 linear
E:  cDNA

 CDS
 56..3454
RMATION:  /product= "hTRT"
RMATION:  /note= "human telomerase reverse
RMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
RMATION:  component"
4

        99.3%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
```

```
Qy    2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy    2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy    2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy    2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy    2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy    2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy    2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy    2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy    3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy    3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy    3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy    3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy    3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy    3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy    3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy    3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy    3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy    3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
```

```
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


lication US/08974549A
178
ATION:
ech, Thomas R.
ingner, Joachim
akamura, Toru
hapman, Karen B.
orin, Gregg B.
arley, Calvin B.
ndrews, William H.
NTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
UENCES:  727
E ADDRESS:
 Townsend and Townsend and Crew LLP
o Embarcadero Center, Eighth Floor
 Francisco
ifornia
SA
-3834
ABLE FORM:
:  Floppy disk
 IBM PC compatible
YSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
 PatentIn Release #1.0, Version #1.30
CATION DATA:
 NUMBER:  US/08/974,549A
:  19-NOV-1997
ION:  536
TION DATA:
 NUMBER:  US 08/724,643
:  01-OCT-1996
TION DATA:
 NUMBER:  US 08/844,419
:  18-APR-1997
TION DATA:
 NUMBER:  US 08/846,017
:  25-APR-1997
TION DATA:
 NUMBER:  US 08/851,843
:  06-MAY-1997
TION DATA:
 NUMBER:  US 08/854,050
```

```
;       FILING DATE:  09-MAY-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Apple, Randolph Ted
;       REGISTRATION NUMBER:  36,429
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  4015 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  CDS
;       LOCATION:  56..3454
;       OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;       OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;       OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;       OTHER INFORMATION:  component"
US-08-974-549A-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCG

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
```

```
Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC
```

```
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
RESULT 6
US-08-854-050-224
; Sequence 224, Application US/08854050
; Patent No. 6261836
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6261836el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
```

```
OR SEQ ID NO:  224:
ARACTERISTICS:
4015 base pairs
cleic acid
ESS:  single
  linear
PE:  cDNA

  CDS
  56..3454
ORMATION:  /product= "hTRT"
ORMATION:  /note= "human telomerase reverse
ORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
ORMATION:  component"
4

          99.3%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
```

```
Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 7
US-09-430-323-224
; Sequence 224, Application US/09430323
```

```
867
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin
   Andrews, William H.
 INVENTION: No. 6309867el Telomerase
F SEQUENCES: 225
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
: 94111
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/430,323
ING DATE: 29-Oct-1999
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
E: Apple,  Randolph T.
ISTRATION NUMBER: 36,429
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 224:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 4015 base pairs
E: nucleic acid
ANDEDNESS: single
OLOGY: linear
 TYPE: cDNA

E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /product= "hTRT"
te= "human telomerase reverse
nscriptase (hTRT) catalytic protein
ponent"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:


         99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
```

```
Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGCTGGCGGCTGGTGCA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
```

```
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

TATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy   2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy   2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy   2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy   2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy   2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy   2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy   2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy   2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy   2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy   2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy   2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy   3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy   3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA

Qy   3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC

Qy   3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC

Qy   3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC

Qy   3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG

Qy   3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


lication US/09572423B
.399
TION:
Brett P. Monia
lliam A. Gaarde
ward Wancewicz
TION:    ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
:    ISPH-0462
ATION NUMBER: US/09/572,423B
 DATE:  2000-05-16
ID NOS:    29


o sapiens


)...(3454)


        99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
```

```
Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCT

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
```

```
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


lication US/09128354
200
TION:
in, Gregg B.
on Corporation
TION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
: 015389-003310US
ATION NUMBER: US/09/128,354
DATE: 1998-08-03
ATION NUMBER: US 08/851,843
DATE: 1997-05-06
ATION NUMBER: US 08/854,050
DATE: 1997-05-09
ATION NUMBER: US 08/911,312
DATE: 1997-08-14
ATION NUMBER: US 08/912,951
DATE: 1997-08-14
ATION NUMBER: US 08/915,503
DATE: 1997-08-14
ATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
DATE: 1997-10-01
ATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
DATE: 1997-10-01
ATION NUMBER: US 08/974,549
DATE: 1997-11-19
```

```
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;  EARLIER FILING DATE: 1997-11-19
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  EARLIER FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-09-128-354-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy          AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy          CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy          CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy          CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy          CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy          GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy          CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy          GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy          AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
```

```
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
; Patent No. 6440735
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Imm
;  TITLE OF INVENTION:  Response to a Telomerase Antigen
;  FILE REFERENCE: 015389-003500PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
;  CURRENT FILING DATE:  2000-09-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-09-675-321-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
```

```
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGAC

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
```

```
Qy       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA

RESULT 11
US-09-052-919-1
; Sequence 1, Application US/09052919
; Patent No. 6444650
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Antisense Compositions for Detecting and
;    TITLE OF INVENTION:  Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  72
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/052,919
;      FILING DATE:  31-MAR-1998
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/974,549
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/974,584
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
```

```
NT INFORMATION:
ent, Annette S.
ON NUMBER:  42,058
DOCKET NUMBER:  015389-003600US
ATION INFORMATION:
   (415) 576-0200
 (415) 576-0300
R SEQ ID NO:  1:
RACTERISTICS:
015 base pairs
leic acid
SS:  single
 linear
E:  cDNA

 CDS
 56..3454
RMATION:  /product= "human telomerase reverse
RMATION:  transcriptase (hTRT)"


          99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
```

```
Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy        2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy        3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy        3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy        3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy        3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy        3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy        3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy        3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy        3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy        3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy        3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
)lication US/08912951
;789
IATION:
 Cech, Thomas R.
 Lingner, Joachim
 Nakamura, Toru
 Chapman, Karen B.
 Morin, Gregg B.
 Harley, Calvin
 Andrews, William H.
ENTION:  HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
ENTION:  THERAPEUTIC METHODS
QUENCES:  335
CE ADDRESS:
  Townsend and Townsend and Crew LLP
wo Embarcadero Center, 8th Floor
 Francisco
lifornia
United States of America
1
DABLE FORM:
E:  Floppy disk
 IBM PC compatible
SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
 PatentIn Release #1.0, Version #1.30
ICATION DATA:
N NUMBER:  US/08/912,951
E:  14-AUG-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/854,050
E:  09-MAY-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/851,843
E:  06-MAY-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/846,017
E:  25-APR-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/844,419
E:  18-APR-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/724,643
E:  01-OCT-1996
TION:  435
NT INFORMATION:
le,  Randolph T.
ON NUMBER:  36,429
DOCKET NUMBER:  015389-002600US
ATION INFORMATION:
 (415) 576-0200
(415) 576-0300
R SEQ ID NO:  1:
RACTERISTICS:
015 base pairs
leic acid
SS:  single
 linear
E:  cDNA

 CDS
 56..3454
RMATION:  /product= "hTRT"
RMATION:  /note= "human telomerase reverse
RMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
```

```
;      OTHER INFORMATION:  component"
US-08-912-951-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGC

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
```

```
Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
```

```
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015




lication US/09733294A
171
TION:
tt P. Monia
lliam Gaarde
san M. Freier
ward V. Wancewicz
TION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
: ISPH-0527
ATION NUMBER: US/09/733,294A
 DATE:  2000-12-07
ION NUMBER: 09/572,423
ATE: 2000-05-16
ID NOS: 108
```

```
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)...(3454)
US-09-733-294A-3

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
```

```
ACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

CCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

ACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

TGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

GCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

ACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

GGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

AACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGG

Qy         2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTG

Qy         2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCC

Qy         2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCA

Qy         2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACT

Qy         2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCA

Qy         2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACC

Qy         2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATG

Qy         2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCA

Qy         2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGC

Qy         2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGG

Qy         2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACG

Qy         2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy         2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy         2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


plication US/09402181B
0839
RMATION:
NT: Cech, Thomas R.
    Lingner, Joachim
    Nakamura, Toru
    Chapman, Karen B.
    Morin, Gregg B.
```

```
;                 Harley, Calvin B.
;                 Andrews, William H.
;         TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;         NUMBER OF SEQUENCES: 633
;         CORRESPONDENCE ADDRESS:
;              ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;              STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;              CITY: San Francisco
;              STATE: California
;              COUNTRY: USA
;              ZIP: 94111-3834
;         COMPUTER READABLE FORM:
;              MEDIUM TYPE: Floppy disk
;              COMPUTER: IBM PC compatible
;              OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;              SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;         CURRENT APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/09/402,181B
;              FILING DATE: 29-Sep-1997
;              CLASSIFICATION: <Unknown>
;         PRIOR APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;              FILING DATE: 01-OCT-1996
;              APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;              FILING DATE: 18-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;              FILING DATE: 25-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;              FILING DATE: 06-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;              FILING DATE: 09-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;              FILING DATE: 01-OCT-1997
;         ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;              NAME: Ausenhus, Scott L.
;              REGISTRATION NUMBER: 42,271
;              REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;              TELEPHONE: (415) 576-0200
;              TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;              LENGTH: 4015 base pairs
;              TYPE: nucleic acid
;              STRANDEDNESS: single
;              TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: cDNA
;         FEATURE:
;              NAME/KEY:  CDS
;              LOCATION:  56..3454
;              OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;              /note= "human telomerase reverse
;              transcriptase (hTRT) catalytic protein
;              component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-402-181B-1

  Query Match            99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
```

```
Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
```

```
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
```

```
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy          3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy          3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy          3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy          3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy          3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy          3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy          3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy          3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy          3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy          3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
RESULT 15
US-09-721-456-1
; Sequence 1, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;        NUMBER OF SEQUENCES: 727
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
;             ZIP: 94111-3834
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;             FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
```

```
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/08/974,549A
ING DATE: 19-NOV-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/911,312
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/912,951
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/915,503
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
ING DATE: 01-OCT-1997
LICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
ING DATE: 01-OCT-1997
/AGENT INFORMATION:
E: Apple, Randolph Ted
ISTRATION NUMBER: 36,429
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 1:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 4015 base pairs
E: nucleic acid
ANDEDNESS: single
OLOGY: linear
 TYPE: cDNA

E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /product= "hTRT"
te= "human telomerase reverse
nscriptase (hTRT) catalytic protein
ponent"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:


          99.3%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative     0;  Mismatches     0;  Indels     0;  Gaps     0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy         368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy         428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy         488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy         548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy         608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy         668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy         728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy         788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy         848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy         908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy         968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy        1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy        1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy        1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy        1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy        1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy        1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy        1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy     GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy     GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy     CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy     GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy     CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy     CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy     TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
```

```
Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAG

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG
```

```
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


: April 21, 2004, 23:46:12
ecs
```

```
              GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.


eic search, using sw model

pril 21, 2004, 06:45:24 ; Search time 1546 Seconds
                         (without alignments)
                         11787.756 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-1
042
 gtttcaggcagcgctgcgtc..........aaaaaaaaaaaaaaaaaaa 4042

DENTITY_NUC
apop 10.0 , Gapext 1.0

907579 seqs, 2254313464 residues

its satisfying chosen parameters:      5815158

ngth: 0
ngth: 2000000000

Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Published_Applications_NA:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
0:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
1:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
2:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
3:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US09_NEW_PUB.seq2:*
4:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
5:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
6:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
7:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
8:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
9:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES
%
uery
atch Length DB  ID                       Description
-------------------------------------------------------------
99.7   4037  13  US-10-325-810-343        Sequence 343, App
99.3   4015  9  US-09-733-294A-3         Sequence 3, Appli
99.3   4015  9  US-09-990-080-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  9  US-09-843-676-224        Sequence 224, App
99.3   4015  9  US-09-953-052-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  13  US-10-325-810-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  13  US-10-388-578-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  13  US-10-449-565-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  15  US-10-053-758-224        Sequence 224, App
99.3   4015  15  US-10-208-243-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  15  US-10-054-295-224        Sequence 224, App
99.3   4015  15  US-10-054-611-224        Sequence 224, App
99.3   4015  15  US-10-105-963-1          Sequence 1, Appli
99.3   4015  15  US-10-044-692-1          Sequence 1, Appli
```

```
   15    4015   99.3   4015  15  US-10-044-539-1          Sequence
   16    4013   99.3   4027  16  US-10-385-882-1          Sequence
   17  3868.2   95.7   4029  9  US-09-843-676-173        Sequence
   18  3868.2   95.7   4029  10  US-09-438-486-173        Sequence
   19  3868.2   95.7   4029  13  US-10-325-810-292        Sequence
   20  3868.2   95.7   4029  15  US-10-053-758-173        Sequence
   21  3868.2   95.7   4029  15  US-10-054-295-173        Sequence
   22  3868.2   95.7   4029  15  US-10-054-611-173        Sequence
   23    3661   90.6   3855  13  US-10-325-810-4          Sequence
   24    3661   90.6   3855  15  US-10-044-692-4          Sequence
   25    3661   90.6   3855  15  US-10-044-539-4          Sequence
   26    3400   84.1   3453  15  US-10-205-629-1          Sequence
   27    3400   84.1  13766  15  US-10-105-616-1          Sequence
   28    3396   84.0   3396  9  US-09-749-728B-32        Sequence
c  29    3388   83.8   8742  15  US-10-105-616-6          Sequence
   30  1980.4   49.0   2176  13  US-10-325-810-3          Sequence
   31  1980.4   49.0   2176  15  US-10-044-692-3          Sequence
   32  1980.4   49.0   2176  15  US-10-044-539-3          Sequence
   33  1897.2   46.9   2171  9  US-09-843-676-100        Sequence
   34  1897.2   46.9   2171  9  US-09-766-253-100        Sequence
   35  1897.2   46.9   2171  10  US-09-438-486-100        Sequence
   36  1897.2   46.9   2171  13  US-10-325-810-266        Sequence
   37  1897.2   46.9   2171  15  US-10-053-758-100        Sequence
   38  1897.2   46.9   2171  15  US-10-054-295-100        Sequence
   39  1897.2   46.9   2171  15  US-10-054-611-100        Sequence
   40    1823   45.1   1866  15  US-10-294-778-11         Sequence
   41  1522.8   37.7   4200  15  US-10-044-692-6          Sequence
   42  1522.8   37.7   4200  15  US-10-044-539-6          Sequence
   43  1522.8   37.7   4321  13  US-10-325-810-6          Sequence
   44  1522.8   37.7  15418  9  US-09-783-203-1          Sequence
   45  1522.8   37.7  15418  9  US-09-994-427A-1         Sequence


                          ALIGNMENTS


RESULT 1
US-10-325-810-343
; Sequence 343, Application US/10325810
; Publication No. US20030204069A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 633
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/325,810
;            FILING DATE: 20-Dec-2002
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/402,181
;            FILING DATE: 29-Sep-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
```

```
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/911,312
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/912,951
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/915,503
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
ING DATE: 01-OCT-1997
/AGENT INFORMATION:
E: Ausenhus, Scott L.
ISTRATION NUMBER: 42,271
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 343:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 4037 base pairs
E: nucleic acid
ANDEDNESS: single
OLOGY: linear
 TYPE: cDNA

E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /note= "refined sequence of hTRT cDNA"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

          99.7%;  Score 4028.6;  DB 13;  Length 4037;
larity    99.8%;  Pred. No. 0;
 Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
```

```
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
```

```
Qy          2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy          2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy          2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy          2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTT

Qy          2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy          3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy          3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy          3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy          3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy          3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy          3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy          3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy          3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy          3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy          3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy          3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA

Qy          3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCA

Qy          3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC
                 |||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTC

Qy          3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC
```

```
|||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTGAAAAAAAAAAAA 4027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTGRAAAAAAAAAAA 4020

AAAAAAAAAAAAA 4042
|||||||||||||
AAAAAAAAAAAAA 4035


lication US/09733294A
020045588A1
ATION:
tt P. Monia
illiam Gaarde
san M. Freier
ward V. Wancewicz
TION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
: ISPH-0527
ATION NUMBER: US/09/733,294A
 DATE:  2000-12-07
ION NUMBER: 09/572,423
ATE: 2000-05-16
 ID NOS: 108


o sapiens

S
6)...(3454)


            99.3%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
```

```
Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGCTC
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

             CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

             CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

             CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

             GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

             CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

             GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

             AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCGCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

             CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

             AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

             CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

             GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

             GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

             CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

             GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

             CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

             CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

             TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
             TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

             GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy         2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy         2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy         2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy         2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy         2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy         2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy         2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy         3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy         3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAG

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAA
```

```
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



lication US/09990080
020102686A1
TION:
in, Gregg B.
ron Corporation
TION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
: 018/258c
ATION NUMBER: US/09/990,080
 DATE:  1998-08-03
ION NUMBER: US 09/052,864
ATE: 1998-03-31
 ID NOS: 21
ntIn Ver. 2.0


o sapiens


)..(3454)
TION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA


          99.3%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
```

```
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
```

```
Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
```

```
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
pplication US/09843676
020164786A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin
   Andrews, William H.
 INVENTION: No. US20020164786A1el Telomerase
F SEQUENCES: 225
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
: 94111
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/843,676
ING DATE: 26-Apr-2001
SSIFICATION: 536
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
E: Apple,  Randolph T.
```

```
;           REGISTRATION NUMBER: 36,429
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 4015 base pairs
;           TYPE: nucleic acid
;           STRANDEDNESS: single
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;           NAME/KEY:  CDS
;           LOCATION:  56..3454
;           OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;           /note= "human telomerase reverse
;           transcriptase (hTRT) catalytic protein
;           component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-09-843-676-224

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
```

```
Qy          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy          AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy          CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy          CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy          CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy          CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy          GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy          CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
```

```
Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           AGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy           TTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           TTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy           AGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           AGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy           ATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           ATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy           CAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           CAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy           TACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           TACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy           CCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           CCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy           CGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           CGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy           AGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy           GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy           CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy           ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy           GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy           TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy           CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy           GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy           TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy           TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy           GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA

RESULT 5
US-09-953-052-1
; Sequence 1, Application US/09953052
; Patent No. US20020173476A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
;                           Inhibiting Telomerase Reverse Transcript
;       NUMBER OF SEQUENCES: 72
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/953,052
;            FILING DATE: 14-Sep-2001
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 09/052,919
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Parent, Annette S.
;            REGISTRATION NUMBER: 42,058
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
```

```
E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /product= "human telomerase reverse
nscriptase (hTRT)"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:


          99.3%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 967
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC

Qy          968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT

Qy         1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG

Qy         1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC

Qy         1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC

Qy         1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC

Qy         1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC

Qy         1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG

Qy         1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG

Qy         1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC

Qy         1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT

Qy         1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG

Qy         1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC

Qy         1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC

Qy         1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC

Qy         1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG

Qy         1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA

Qy         1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG

Qy         1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
```

```
Qy         3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy         3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy         3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy         3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy         3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy         3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy         3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy         3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy         3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy         3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 6
US-10-325-810-1
; Sequence 1, Application US/10325810
; Publication No. US20030204069A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
```

```
  Andrews, William H.
 INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
F SEQUENCES: 633
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: USA
: 94111-3834
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/325,810
ING DATE: 20-Dec-2002
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/402,181
ING DATE: 29-Sep-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/911,312
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/912,951
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/915,503
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
ING DATE: 01-OCT-1997
/AGENT INFORMATION:
E: Ausenhus, Scott L.
ISTRATION NUMBER: 42,271
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 1:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 4015 base pairs
E: nucleic acid
ANDEDNESS: single
OLOGY: linear
 TYPE: cDNA

E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /product= "hTRT"
te= "human telomerase reverse
nscriptase (hTRT) catalytic protein
ponent"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:


          99.3%;  Score 4015;  DB 13;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy         128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy         188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy         248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy         308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy         368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy         428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy         488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy         548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy         608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy         668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy         728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy         788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy         848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy         908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy         968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy        1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy        1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy        1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
```

```
Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
```

```
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015




lication US/10388578
 US20030224411A1
TION:
on Corporation
anton, Lawrence
lph, Brandenberger
seph, Gold D.
hn, Irving
ndalam, Ramkumar
k, Michael
elton, Dawne
TION: Genes that are Up- or Down-Regulated During Differentiation of Hu
TION:  Embryonic Stem Cells
: 135/001
ATION NUMBER: US/10/388,578
 DATE:  2003-03-13
 ID NOS: 139
om



o sapiens


)..(3454)
TION:
```

```
US-10-388-578-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 13;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
```

```
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
```

```
Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


lication US/10449565
 US20030225027A1
TION:
ng, Jun Jian
ang, Cui-Fen
n, Marie
ng, Hsiang-fu
TION: Telomerase Reverse Transcriptase Fragments and Uses thereof
: 9661-037
ATION NUMBER: US/10/449,565
 DATE:  2003-05-30
ION NUMBER: 60/384,806
ATE: 2002-05-31
 ID NOS: 2
ntIn version 3.2
```

```
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2702)..(3454)
US-10-449-565-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 13;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
```

```
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy       2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy       2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


pplication US/10053758
 US20030032075A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
```

```
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;         TITLE OF INVENTION: No. US20030032075Alel Telomerase
;         NUMBER OF SEQUENCES: 225
;         CORRESPONDENCE ADDRESS:
;              ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;              STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;              CITY: San Francisco
;              STATE: California
;              COUNTRY: United States of America
;              ZIP: 94111
;         COMPUTER READABLE FORM:
;              MEDIUM TYPE: Floppy disk
;              COMPUTER: IBM PC compatible
;              OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;              SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;         CURRENT APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/10/053,758
;              FILING DATE: 18-Jan-2002
;              CLASSIFICATION: 536
;         PRIOR APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/08/854,050
;              FILING DATE: 09-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;              FILING DATE: 06-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;              FILING DATE: 25-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;              FILING DATE: 18-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;              FILING DATE: 01-OCT-1996
;         ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;              NAME: Apple,  Randolph T.
;              REGISTRATION NUMBER: 36,429
;              REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;              TELEPHONE: (415) 576-0200
;              TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;              LENGTH: 4015 base pairs
;              TYPE: nucleic acid
;              STRANDEDNESS: single
;              TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: cDNA
;         FEATURE:
;              NAME/KEY:  CDS
;              LOCATION:  56..3454
;              OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;              /note= "human telomerase reverse
;              transcriptase (hTRT) catalytic protein
;              component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-053-758-224

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
```

```
Qy     1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy     1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy     1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy     1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy     1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy     1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy     1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy     1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy     1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy     1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy     1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy     1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy     2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy     2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy     2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy     2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy     2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy     2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
```

```
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

CAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
```

```
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy        3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA

RESULT 10
US-10-208-243-1
; Sequence 1, Application US/10208243
; Publication No. US20030044394A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Imm
;  TITLE OF INVENTION:  Response to a Telomerase Antigen
;  FILE REFERENCE: 015389-003500PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/208,243
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
;  PRIOR FILING DATE: 2000-09-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-10-208-243-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy           8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
```

```
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
```

```
Qy      1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy      1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy      1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy      1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy      1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy      1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy      1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy      1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy      1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy      1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy      1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy      1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy      1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy      1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy      1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy      2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy      2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy      2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy      2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

TCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy        3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy        3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy        3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy        3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy        3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy        3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy        3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy        3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy        3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy        3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy        3968 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA


RESULT 11
US-10-054-295-224
; Sequence 224, Application US/10054295
; Publication No. US20030044953A1
;   GENERAL INFORMATION:
;         APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                    Lingner, Joachim
;                    Nakamura, Toru
;                    Chapman, Karen B.
;                    Morin, Gregg B.
;                    Harley, Calvin
;                    Andrews, William H.
;         TITLE OF INVENTION: No. US20030044953Alel Telomerase
;         NUMBER OF SEQUENCES: 225
;         CORRESPONDENCE ADDRESS:
;              ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;              STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;              CITY: San Francisco
;              STATE: California
;              COUNTRY: United States of America
;              ZIP: 94111
;         COMPUTER READABLE FORM:
;              MEDIUM TYPE: Floppy disk
;              COMPUTER: IBM PC compatible
;              OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;              SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
```

```
 APPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/10/054,295
LING DATE: 18-Jan-2002
ASSIFICATION: 536
PPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: 08/854,050
LING DATE: <Unknown>
PLICATION NUMBER: US 08/846,017
LING DATE: 25-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/844,419
LING DATE: 18-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/724,643
LING DATE: 01-OCT-1996
Y/AGENT INFORMATION:
ME: Apple,  Randolph T.
GISTRATION NUMBER: 36,429
FERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
MUNICATION INFORMATION:
LEPHONE: (415) 576-0200
LEFAX: (415) 576-0300
FOR SEQ ID NO: 224:
E CHARACTERISTICS:
NGTH: 4015 base pairs
PE: nucleic acid
RANDEDNESS: single
POLOGY: linear
E TYPE: cDNA
:
ME/KEY:  CDS
CATION:  56..3454
HER INFORMATION:  /product= "hTRT"
ote= "human telomerase reverse
anscriptase (hTRT) catalytic protein
mponent"
E DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
4

          99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGACGC 247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGACGC 240

GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
```

```
Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
```

```
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

 CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

 GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

 CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

 GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

 AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

 CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

 AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

 CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

 GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

 GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

 CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

 GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

 CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

 CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

 TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

 GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

 CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2647
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGACGGGCT 2640

 CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
```

```
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


4
pplication US/10054611
. US20030059787A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
    Lingner, Joachim
    Nakamura, Toru
    Chapman, Karen B.
    Morin, Gregg B.
    Harley, Calvin
    Andrews, William H.
 INVENTION: No. US20030059787A1el Telomerase
F SEQUENCES: 225
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
REET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
P: 94111
R READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/054,611
LING DATE: 18-Jan-2002
ASSIFICATION: 536
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: 08/854,050
LING DATE: <Unknown>
LICATION NUMBER: US 08/846,017
LING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
LING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
LING DATE: 01-OCT-1996
Y/AGENT INFORMATION:
ME: Apple,  Randolph T.
GISTRATION NUMBER: 36,429
FERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
MUNICATION INFORMATION:
LEPHONE: (415) 576-0200
LEFAX: (415) 576-0300
FOR SEQ ID NO: 224:
E CHARACTERISTICS:
NGTH: 4015 base pairs
PE: nucleic acid
RANDEDNESS: single
POLOGY: linear
E TYPE: cDNA
:
ME/KEY:  CDS
```

```
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-054-611-224

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

            CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

            GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

            CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

            CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

            CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

            CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

            CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

            AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

            CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

            CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

            CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

            CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

            GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

            CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

            GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

            AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            AGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

            CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
            CATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

            AACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy        2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy        2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy        2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy        2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy        2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy        2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy        2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy        2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy        2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy        2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy        2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy        2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy        2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy        2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy        2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy        2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy        3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy        3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
```

```
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015



plication US/10105963
. US20030068818A1
ATION:
ron Corporation
enning, Chris
lark, A. John
chiff, J. Michael
NTION: Animal Tissue with Carbohydrate Antigens Compatible for Human
NTION:  Transplantation and a Carbohydrate Determinant Selection System
```

```
;  TITLE OF INVENTION:  Recombination
;  FILE REFERENCE: 731/002
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/105,963
;  CURRENT FILING DATE:  2002-03-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/277,811
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-21
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION:
US-10-105-963-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC

Qy         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGA

Qy        128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCA

Qy        188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTG

Qy        248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCT

Qy        308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGG

Qy        368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
```

```
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
```

```
Qy          1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy          1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy          1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy          2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy          2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy          2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT

Qy          2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTG

Qy          2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAA

Qy          2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCT

Qy          2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGA

Qy          2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCAT

Qy          2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCT

Qy          2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy          2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy          2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy          2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy          2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy          2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy          2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
US-10-044-692-1
; Sequence 1, Application US/10044692
; Publication No. US20030096344A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DI
;                           THERAPEUTIC METHODS
;       NUMBER OF SEQUENCES: 335
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/044,692
;            FILING DATE: 11-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/912,951
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-044-692-1

  Query Match             99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGC
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
```

```
Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC

Qy       1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCA

Qy       1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCT

Qy       1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGAT

Qy       1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTT

Qy       1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGT

Qy       1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGA

Qy       1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAG

Qy       1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGT

Qy       1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGC

Qy       2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGT

Qy       2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCA

Qy       2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCAT
```

```
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

CTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy         3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy         3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy         3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy         3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy         3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy         3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC

Qy         3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGT

Qy         3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCA

Qy         3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAA

Qy         3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAAT

Qy         3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAA
```

```
RESULT 15
US-10-044-539-1
; Sequence 1, Application US/10044539
; Publication No. US20030100093A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DI
;                   THERAPEUTIC METHODS
;        NUMBER OF SEQUENCES: 335
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
```

```
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/044,539
ING DATE: 11-Jan-2002
SSIFICATION: 435
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: 08/912,951
ING DATE: <Unknown>
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
E: Apple,  Randolph T.
ISTRATION NUMBER: 36,429
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 1:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 4015 base pairs
E: nucleic acid
ANDEDNESS: single
OLOGY: linear
 TYPE: cDNA

E/KEY:  CDS
ATION:  56..3454
ER INFORMATION:  /product= "hTRT"
te= "human telomerase reverse
nscriptase (hTRT) catalytic protein
ponent"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:


        99.3%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

GCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCG

Qy        428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGCGTGGGGCTGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGCGTGGGGCTGCT

Qy        488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGT

Qy        548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGC

Qy        608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGA

Qy        668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGG

Qy        728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCG

Qy        788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGG

Qy        848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGA

Qy        908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGG

Qy        968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCC

Qy       1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCA

Qy       1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCT

Qy       1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCC

Qy       1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCA

Qy       1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCAC

Qy       1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGA

Qy       1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCA

Qy       1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTC
```

```
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
```

```
Qy       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGA

Qy       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGC

Qy       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTT

Qy       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGT

Qy       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCT

Qy       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTT

Qy       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCT

Qy       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAA

Qy       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCC

Qy       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC

Qy       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGG

Qy       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCT

Qy       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCA

Qy       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAA

Qy       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCA

Qy       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGG

Qy       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGA

Qy       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCA

Qy       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCC
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

 April 22, 2004, 00:12:07
ecs
```

```
             GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

.eic search, using sw model

\pril 21, 2004, 06:36:24 ; Search time 9628 Seconds
                           (without alignments)
                           12536.657 Million cell updates/sec

JS-09-424-686F-1
4042
1 gtttcaggcagcgctgcgtc..........aaaaaaaaaaaaaaaaaaa 4042

IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

27513289 seqs, 14931090276 residues

nits satisfying chosen parameters:      55026578

ength: 0
ength: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 EST:*
l:  em_estba:*
2:  em_esthum:*
3:  em_estin:*
4:  em_estmu:*
5:  em_estov:*
5:  em_estpl:*
7:  em_estro:*
3:  em_htc:*
9:  gb_est1:*
10:  gb_est2:*
11:  gb_htc:*
12:  gb_est3:*
13:  gb_est4:*
14:  gb_est5:*
15:  em_estfun:*
16:  em_estom:*
17:  em_gss_hum:*
18:  em_gss_inv:*
19:  em_gss_pln:*
20:  em_gss_vrt:*
21:  em_gss_fun:*
22:  em_gss_mam:*
23:  em_gss_mus:*
24:  em_gss_pro:*
25:  em_gss_rod:*
26:  em_gss_phg:*
27:  em_gss_vrl:*
28:  gb_gss1:*
29:  gb_gss2:*

is the number of results predicted by chance to have a
ter than or equal to the score of the result being printed,
ived by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES
 %
Query
Match Length DB  ID                         Description
-------------------------------------------------------------
 39.2   1826  29  AY407349                   AY407349 Homo sapi
 32.4   1584  29  AY407350                   AY407350 Pan trogl
 22.5   1835  29  AY407351                   AY407351 Mus muscu
 19.9    925  12  BM453198                   BM453198 AGENCOURT
```

```
     5  500.2   12.4   851  13  BU702370                     BU702370
c    6  465.4   11.5   468  10  AW270031                     AW270031
     7    445   11.0   492  12  BM824748                     BM824748
     8    419   10.4   851  12  BG917907                     BG917907
c    9    416   10.3   416  10  AW276315                     AW276315
    10  385.8    9.5   389  9  AA281296                     AA281296
    11  346.2    8.6   688  14  CF531121                     CF531121
    12  340.4    8.4   649  14  CF531069                     CF531069
    13    322    8.0   599  10  BB618671                     BB618671
    14  317.8    7.9   664  13  BQ258274                     BQ258274
c   15  316.4    7.8   340  9  AA811084                     AA811084
    16  290.8    7.2   614  10  BB651920                     BB651920
c   17  284.4    7.0   315  9  AA748707                     AA748707
    18    267    6.6   866  10  BE371943                     BE371943
    19  252.2    6.2   715  10  BE396925                     BE396925
    20  249.6    6.2   409  9  AA311750                     AA311750
    21  248.8    6.2   679  10  BE396606                     BE396606
    22  243.2    6.0   649  10  BE514070                     BE514070
    23    243    6.0   610  10  BE514188                     BE514188
    24    214    5.3   344  14  CF531258                     CF531258
    25  208.6    5.2   779  10  BE268183                     BE268183
    26  203.8    5.0   336  13  BY775178                     BY775178
    27  203.2    5.0   343  13  BY783093                     BY783093
    28  200.6    5.0   338  13  BY784804                     BY784804
    29  192.2    4.8   326  13  BY149368                     BY149368
    30  189.2    4.7   753  13  BU452535                     BU452535
c   31  182.6    4.5   347  10  AW244516                     AW244516
    32  180.2    4.5   880  13  BU377259                     BU377259
    33  167.6    4.1   775  12  BI388013                     BI388013
    34    165    4.1   712  13  BX886589                     BX886589
    35  154.8    3.8   696  13  BU139751                     BU139751
    36  150.4    3.7   668  14  CA380121                     CA380121
c   37    148    3.7   148  9  AI824948                     AI824948
    38    132    3.3   641  28  AZ972318                     AZ972318
    39  128.8    3.2   875  13  BU122597                     BU122597
c   40  123.8    3.1   813  12  BG198331                     BG198331
    41  116.8    2.9   632  14  CA353864                     CA353864
    42  115.8    2.9   732  13  BX889962                     BX889962
    43  114.8    2.8   654  13  BX882610                     BX882610
    44  114.8    2.8   739  13  BX315053                     BX315053
    45  113.4    2.8   568  13  BX521269                     BX521269


                           ALIGNMENTS


RESULT 1
AY407349
LOCUS       AY407349               1826 bp    DNA     linear   GSS
DEFINITION  Homo sapiens TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequ
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407349
VERSION     AY407349.1  GI:39763320
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Hom
REFERENCE   1  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariw
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse or
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariw
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
```

```
itted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
ville, MD 20850, USA
 sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
 based on alignment.
     Location/Qualifiers
     1..1826
     /organism="Homo sapiens"
     /mol_type="genomic DNA"
     /db_xref="taxon:9606"
     <1..>1826
     /gene="TERT"
     /locus_tag="HCM2861"


        39.2%;  Score 1584;  DB 29;  Length 1826;
ilarity   86.7%;  Pred. No. 5.4e-185;
 Conservative    0;  Mismatches  242;  Indels    0;  Gaps    0;

GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1695
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 60

CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1755
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1815
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1875
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

GTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1935
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1995
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2055
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

AACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2115
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480

ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 2175
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 540

CTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGGC 2235
|||||||||||||||
CTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

ACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATG 2295

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

GTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTA 2355
                                                     |||||||
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTA 720

TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 2415
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 780

CTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCC 2475
||||||||||||||||||||||||||
CTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840
```

```
Qy       2476 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGC

Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy       2536 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGC

Qy       2596 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTG

Qy       2656 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACC

Qy       2716 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAG

Qy       2776 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG

Qy       2836 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG

Qy       2896 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC

Qy       2956 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT

Qy       3016 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC

Qy       3076 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT

Qy       3136 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC

Qy       3196 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCC

Qy       3256 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTG

Qy       3316 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAG
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAG

Qy       3376 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCA

Qy       3436 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3461
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 1826


RESULT 2
AY407350
LOCUS       AY407350                  1584 bp    DNA     linear   GSS
```

```
roglodytes TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
ic survey sequence.
350
350.1  GI:39763321

roglodytes (chimpanzee)
roglodytes
yota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
lia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
ases 1 to 1584)
,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
era,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
,M.D. and Cargill,M.
ring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
 trios
ce 302 (5652), 1960-1963 (2003)
302
ases 1 to 1584)
,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
 M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
era,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
,M.D. and Cargill,M.
t Submission
tted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
ille, MD 20850, USA
 sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
 based on alignment.
      Location/Qualifiers
      1. .1584
      /organism="Pan troglodytes"
      /mol_type="genomic DNA"
      /db_xref="taxon:9598"
      <1. .>1584
      /gene="TERT"
      /locus_tag="HCM2861"


         32.4%;  Score 1308.6;  DB 29;  Length 1584;
larity   83.1%;  Pred. No. 3.2e-151;
 Conservative    0;  Mismatches  267;  Indels    0;  Gaps    0;

GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1695
||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
GTTGGCTCTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCT 60

CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1755
||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTTGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1815
||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACCACGTTTCAGAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1875
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

GTCAGGCAGCATCGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1935
||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCAGGCAGCATCAGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1995
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2055
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

AACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2115
|   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ANNNACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480
```

```
Qy   2116 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGC

Qy   2176 AGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGG
          |||||||||||||||||
Db    541 AGCTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2236 TCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTC

Db    601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2296 CCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACG
                                                              |
Db    661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNG

Qy   2356 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGA

Qy   2416 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCA
          | ||||||||||||||| |||||||||||
Db    781 CACTGAGGGATGCCGTCATCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2476 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCA

Db    841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2536 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCA
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db    901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTGTCCACGCTGCTCTGCA

Qy   2596 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGC

Qy   2656 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db   1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAGCCT

Qy   2716 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGA
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 NGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGA

Qy   2776 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGC
          ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db   1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGATGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGCTGC

Qy   2836 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db   1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGACACCCGGACCCTGGAGGTGC

Qy   2896 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCG
          |||||||||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||||||||
Db   1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCNNNNCCAGTCTCACCTTCAACCGCG

Qy   2956 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTC

Qy   3016 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACA
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 TGTTTCTGGATTTGCAGNTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACA

Qy   3076 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATC
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATC

Qy   3136 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCT
          ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db   1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCATCATCTCTGACACGGCCTCCCTCT
```

```
ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3219
||||||||||||||||||||||
ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 1584



7351                  1835 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
musculus TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
mic survey sequence.
7351
7351.1  GI:39763322

musculus (house mouse)
musculus
ryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
alia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
bases 1 to 1835)
k,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
iera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
s,M.D. and Cargill,M.
rring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
 trios
nce 302 (5652), 1960-1963 (2003)
1302
bases 1 to 1835)
k,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
iera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
s,M.D. and Cargill,M.
ct Submission
itted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
ville, MD 20850, USA
 sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
 based on alignment.
     Location/Qualifiers
     1. .1835
     /organism="Mus musculus"
     /mol_type="genomic DNA"
     /db_xref="taxon:10090"
     <1. .>1835
     /gene="TERT"
     /locus_tag="HCM2861"


          22.5%;  Score 911.4;  DB 29;  Length 1835;
ilarity   64.7%;  Pred. No. 1.5e-102;
 Conservative    0;  Mismatches  638;  Indels    9;  Gaps    3;

GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1695
   | | |||| || || ||||||||||||||| | |||  ||||||||| | |||||
AAGGACCGTGTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCC 60

CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1755
  ||||||||||      ||||| ||  ||||||| ||||| ||||||||  |||| |
TTCTGGCTGATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAG 120

ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1815
| ||| || || |||||||||||||| |||||||| |||||||| ||||||||| |||
AGCACATTCCAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 180

AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1875
||||||||| |||| || ||| |  |||| |||| ||| |||||||||||  |||  |
AGCATTGGAGTCAGGCAACACCTTGAGAGAGTGCGGCTACGGGAGCTGTCACAAGAGG 240

GTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1935
|||||||| || | |||  || |||  ||| |||  |  | |||||| ||||||||||
GTCAGGCATCACCAGGACACCTGGCTAGCCATGCCCATCTGCAGACTGCGCTTCATCC 300

AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1995
|||||  |||| |||||||| ||||||||||||   ||   | ||||  ||||| | |
AAGCCCAACGGCCTGCGGCCCATTGTGAACATGAGTTATAGCATGGGTACCAGAGCTT 360
```

```
Qy   1996 TCCGCAG-AGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTC
          |  |||| || ||  |||||| ||| | |||||  | |  | ||| | || |||
Db    361 TGGGCAGAAGGAAGCAGGGCCCAGCATTTCACCCAGCGTCTCAAGACTCTCTTC

Qy   2055 CTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGC
          |||||||| |||||| |    |  ||   |||  |||   | ||||| |||||
Db    421 CTCAACTATGAGCGGACAAAACATCCTCACCTTATGGGGTCTTCTGTACTGGGT

Qy   2115 GATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCG
          || ||| ||||| |||||||  |||| |||||||||||||| || | ||||| |
Db    481 GACATCTACAGGACCTGGCGGGCCTTTGTGCTGCGTGTGCGTGCTCTGGACCAG

Qy   2175 GAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAG
            | |||||||||| |||
Db    541 AGGATGTACTTTGTTAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2235 CTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGT

Db    601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2295 GCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCAC

Db    661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2355 ACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG---
          ||| |  | ||||||||||| |||||| | |||||| |    || ||||||
Db    721 ACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCATCTGCAGGAT

Qy   2409 ACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG
           |||| |  |||||| |  |||| ||||||||||||
Db    781 GCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2469 AGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC

Db    841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Qy   2529 AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG
            || |||    ||||||||||| ||||| |||||||||| ||| ||||| |||
Db    901 NNGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTATCCACCCTG

Qy   2589 AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC
          || ||||| | ||| ||||||||||||||||||||||| | | | | ||||||
Db    961 AGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCGGGAT

Qy   2649 CTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG
          ||  | ||||| || ||||| ||  |||||||||| |||||| |   ||| ||
Db   1021 CTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCA

Qy   2709 TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG
          |||||||| ||||||||||  || || ||||||||||| ||| || | ||||||
Db   1081 TTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTG

Qy   2769 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT
          |||||||||||||||||||| ||    |   ||||||||||  | |||
Db   1141 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATAC

Qy   2829 CCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG
          || || ||| |||| || |||||||| ||| |||||||||| || | |||  ||
Db   1201 CCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTG

Qy   2889 CAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC
              | ||||||||  | ||||||| |||||| || |   | || |||||||||
Db   1261 TTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTC

Qy   2949 GGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG
          | |||||| ||||||| || ||||||   ||| ||| |   |||||||||| ||
Db   1321 GTCTTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTG

Qy   3009 CACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC
          ||| | || ||||| || ||||||||||||||||||||||| || |||| |||
Db   1381 CACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAAT
```

```
GATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT 3128
|||| ||||||| ||||| |||||||| || ||||||||| | ||||| || ||| |
GATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGAC 1500

GCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC 3188
||  ||| ||||||||| |||||| || ||| || |||||||   |   || |||  |
GCGTGTTAGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGC 1560

CTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGG--GGGCCAAGGGCGCCG 3246
|||  | |||||||| | ||||||  ||| |||  | | ||   | |       |||
CTATGCTATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGTGATCCCCCAGGAATGACACTAAAGGCCT 1620

GGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGC 3306
||| |  | ||  | || ||||  || ||||| ||| |||| || |||||||||||||
GGCTCCTTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTCAAGC 1680

ACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGC 3366
 ||   ||   ||||| ||||      ||||||||  | || ||||||||||| |  |
GCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAAC 1740

CTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGG 3426
||| | ||||||||||| | | ||||  ||||   |||  | || |||||  |||| |
CTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGACCCAG 1800

CTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3461
||   | |||||||  |||||||  |||||| |
CTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGACTAA 1835



3198                   925 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
COURT_6387556 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529840
mRNA sequence.
3198
3198.1  GI:18502238

 sapiens (human)
 sapiens
ryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
alia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
bases 1 to 925)
MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
onal Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
olished (1999)
act: Robert Strausberg, Ph.D.
l: cgapbs-r@mail.nih.gov
ne Procurement: ATCC
A Library Preparation: Life Technologies, Inc.
A Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
 Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
ne distribution: MGC clone distribution information can be
d through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
://image.llnl.gov
e: LLAM12208  row: p  column: 01
 quality sequence stop: 646.
     Location/Qualifiers
     1. .925
     /organism="Homo sapiens"
     /mol_type="mRNA"
     /db_xref="taxon:9606"
     /clone="IMAGE:5529840"
     /tissue_type="leiomyosarcoma"
     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
     /clone_lib="NIH_MGC_71"
     /note="Organ: uterus; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
     Average insert size 2.1 kb.  "


        19.9%;  Score 806;  DB 12;  Length 925;
ilarity   99.2%;  Pred. No. 1.5e-89;
 Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    2;  Gaps    1;
```

```
Qy       2156 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGC

Qy       2216 CACCATCCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCA
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         62 CACCATTCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCA

Qy       2276 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCG

Qy       2336 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTT

Qy       2396 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTC

Qy       2456 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCA

Qy       2516 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCAT

Qy       2576 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGG

Qy       2636 GCGGGACGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCA
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 GCGGGACGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCA

Qy       2696 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTG

Qy       2756 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGG

Qy       2816 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGA

Qy       2876 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGC

Qy       2936 CACCTTCAACCGCGGCTTCAA--GGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAA 2981
              |||||||||||||||||||||  |   || ||||||||||||||||||
Db        782 CACCTTCAACCGCGGCTTCAAAGGCTGGGAAGGAACATGCGTCGCAAA 829


RESULT 5
BU702370
LOCUS       BU702370                 851 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  UI-M-FI0-byx-f-12-0-UI.r1 NIH_BMAP_FI0 Mus musculus cDNA
            IMAGE:6400523 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU702370
VERSION     BU702370.1  GI:23627105
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Mur
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection
```

```
blished (1999)
act: Robert Strausberg, Ph.D.
l: cgapbs-r@mail.nih.gov
ue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
A Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
A Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
 Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
ne Distribution: MGC clone distribution information can be
d through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
://image.llnl.gov
s clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
P)
primer: pYX-5.
     Location/Qualifiers
     1. .851
     /organism="Mus musculus"
     /mol_type="mRNA"
     /strain="C57BL/6"
     /db_xref="taxon:10090"
     /clone="IMAGE:6400523"
     /tissue_type="whole brain"
     /dev_stage="embryo 12.5dpc"
     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
     /clone_lib="NIH_BMAP_FI0"
     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
     Site_2: Not I; The library was constructed according
     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
     gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
     size selected according to mRNA size fraction, ligated
     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
     sequence located between the Not I site and the polyA tail
     is CAGCCACGAC. This library was created for the University
     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
     Developing Mouse Nervous System', supported by National
     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
     program coordinator."


          12.4%;  Score 500.2;  DB 13;  Length 851;
ilarity   75.1%;  Pred. No. 4.9e-52;
 Conservative    0;  Mismatches  206;  Indels    6;  Gaps    1;

AACACGTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCC 2328
  |||||||||  | || | |||||| ||||||| ||  |    ||| || || ||||
CGCACGTACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCC 60

AAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGT 2388
||| |||| | ||| || ||| | ||| |  | ||||||||||| ||||||| | ||||
AAGTCCTTTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGT 120

GTGGCTCACCTGCAG------GAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGC 2442
 |    || ||||||      ||  |||| | |||||| |  |||| ||||||||||
CTTAAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGC 180

AGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGT 2502
|||  |||  ||||||||  ||||||  |||| || ||| ||||||| | |||| ||
AGCATCTCTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGC 240

CACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGG 2562
|||   | |||    ||  | | || || |||    ||||||||||| ||||| ||||
CACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGG 300

TCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGT 2622
|||| ||| ||||| ||||||||||| ||||| | ||| |||||||||||||||||||
TCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGT 360

GCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGA 2682
|| | | | | |||||| ||| ||||  | ||||| || ||||| ||  |||||||||
GCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGA 420
```

```
Qy      2683 CACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTC
             | |||||| |   ||| || |||||||||||||| ||||||||||  || || |
Db       421 CGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTT

Qy      2743 ATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGAC
             |||| ||| || | ||||||| |||||||||||||||||||||||| ||    |
Db       481 ATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCT

Qy      2803 TGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGC
             |||||||  | |||      ||| |||| || ||| |||| || |||||||| |
Db       541 TGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGT

Qy      2863 TGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGG
             ||||||| || | |||  ||||||||    | ||||||||  | ||||||| ||
Db       601 TGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAG

Qy      2923 TCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGT
             | |   | || ||||||||| |  | | |||||  ||||||| || ||||||
Db       661 TTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCANAGCTGGGAAGACCATGCGG

Qy      2983 TCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGA
             || |   |||||||||| ||||||||||| | || ||||| || ||||||||||
Db       721 TCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGA

Qy      3043 TCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGT
             ||||||| || |||| ||| || ||||||||| ||||||| || |  |||||||
Db       781 TCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCANGGCTACAGGT

Qy      3103 CATGTGTGCT 3112
             |||||||| |
Db       841 CATGTGTGAT 850


RESULT 6
AW270031/c
LOCUS       AW270031                 468 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  xv57e03.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW270031
VERSION     AW270031.1  GI:6657061
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Hom
REFERENCE   1  (bases 1 to 468)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Pran
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington Univ
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution informa
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 416.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .468
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2817244"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinom
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer:
```

```
     Library constructed by Life Technologies."

          11.5%;  Score 465.4;  DB 10;  Length 468;
ilarity   99.6%;  Pred. No. 1.1e-47;
 Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

CCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 3609
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 409

TCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 3669
||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TCCGGTTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 349

GTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 3729
||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
GTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCNCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 289

CAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 3789
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 229

ATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAG 3849
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAG 169

GGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 3909
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 109

GTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGA 3969
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGA 49

TGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 4017
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 1



4748                   492 bp    mRNA    linear   EST 06-MAR-2002
T0096335 S22SNU16n1 Homo sapiens cDNA clone S22SNU16n1-99-E07
mRNA sequence.
4748
4748.1  GI:19181161

 sapiens (human)
 sapiens
ryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
alia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
bases 1 to 492)
N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
Y.S.
Frontier Korean EST Project 2001
blished (2002)
act: Kim YS
ne Research Center
a Research Institute of Bioscience & Biotechnology
eun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
 +82-42-860-4470
 +82-42-860-4409
l: yongsung@mail.kribb.re.kr
e: 99  row: E  column: 07
 quality sequence stop: 492.
     Location/Qualifiers
     1..492
     /organism="Homo sapiens"
     /mol_type="mRNA"
     /db_xref="taxon:9606"
     /clone="S22SNU16n1-99-E07"
```

```
                     /sex="F"
                     /tissue_type="Ascites"
                     /cell_type="Lymphoblast-like"
                     /cell_line="SNU-16"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="S22SNU16n1"
                     /note="Organ: Stomach; Vector: pT7T3-Pac; Site_
                     Site_2: NotI; The S22SNU16 library was contribu
                     Soares laboratory and it was constructed as des
                     Bonaldo, M.F., Lennon, G. and Soares, M.B. (199
                     Research 6(9): 791-806. RNA was prepared from h
                     cells of SNU-16 culture. SNU-16 cell was obtain
                     Korean Cell Line Bank (KCLB). SNU-16 was establ
                     ascitic fluids of Korean patients by Park J.G.
                     (1990), Cancer Res 50: 2773-2780."
ORIGIN

  Query Match             11.0%;  Score 445;  DB 12;  Length 492;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 3.3e-45;
  Matches  445;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy       2775 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG

Qy       2835 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG

Qy       2895 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC

Qy       2955 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT

Qy       3015 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC

Qy       3075 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT

Qy       3135 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC

Qy       3195 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3219
              |||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 445


RESULT 8
BG917907
LOCUS       BG917907                 851 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  602820830F1 NCI_CGAP_Mam6 Mus musculus cDNA clone IMAGE:
            mRNA sequence.
ACCESSION   BG917907
VERSION     BG917907.1  GI:14298383
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Mur
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Jeffrey Green M.D.
```

```
A Library Preparation: Life Technologies, Inc.
A Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
 Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
ne distribution: MGC clone distribution information can be
d through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
://image.llnl.gov
e: LLAM10903  row: k  column: 08
 quality sequence stop: 753.
     Location/Qualifiers
     1. .851
     /organism="Mus musculus"
     /mol_type="mRNA"
     /strain="FVB/N"
     /db_xref="taxon:10090"
     /clone="IMAGE:4949887"
     /sex="female, virgin"
     /tissue_type="infiltrating ductal carcinoma"
     /dev_stage="5 months"
     /lab_host="DH10B"
     /clone_lib="NCI_CGAP_Mam6"
     /note="Organ: mammary; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
     Library constructed by Life Technologies. Investigator
     providing samples: Jeffrey Green, M.D., NIH"


         10.4%;  Score 419;  DB 12;  Length 851;
ilarity   71.9%;  Pred. No. 4.4e-42;
 Conservative    0;  Mismatches  215;  Indels   11;  Gaps    2;

GGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 2717
|   ||||| ||  ||| |||||| |||||| |   ||| || ||||||||||||||
GTGTGATGACTTTCTGTAGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGC 97

CCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 2777
||||||||  || || ||||||||||| ||| || | ||||||| |||||||||||||
CCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTG 157

CTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCAC 2837
||||||||| ||    |   ||||||||||  | |||      ||| |||| || |||
CTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCAC 217

CCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 2897
||| || |||||||| ||| |||||||||| || | ||| |||||||||    | |||
CCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTCTGGAGGTGTTCTGTGAC 277

CTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 2957
|||  | ||||||| |||||| || |   | || ||||||||| |  | | ||||||
CTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAA 337

TGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 3017
||||| || ||||||   ||| ||| |   |||||||||| ||||||||||| | ||
TGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTA 397

TCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTC 3077
||| || ||||||||||||||||||||||| || |||| ||| || ||||||||| ||
TCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTC 457

GCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 3137
||| ||||| |||||||| || ||||||||| | ||||| || ||| | ||||  |||
GCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTT 517

GAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 3197
|||||||| |||||| || ||| || |||||||   |   || |||  ||||||  |
GAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCT 577

CCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTG 3257
|||||| | ||||||  |||| ||| | ||   ||||   ||| |          ||
CCTGAAGGTCAAGAATCCAGGAATGACACTAAAGGCCTCTGGCTC----------CTT 627

CTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCT-GCTCAAGCTGACTCGACA 3316
||||     |   || ||||| ||| |||| || ||||| |||||||||| ||   ||
CTCCTGAAGCCGACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGGCTCAAGCTGGCTGCTCA 687
```

```
Qy       3317 CCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCT
                 ||||| ||||      ||||||||  | || ||||||||||| |  | |||
Db        688 TTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAACCGCT

Qy       3377 GAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACT
              ||||||| | | | ||||  ||||    ||    || |||||  |||| |  ||
Db        748 GAAGCTCGCAGAGGCGACAATGACCATGCTTACAGCTGCAGCTGACCCAGACCT

Qy       3437 AGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3461
              ||||||  ||  |     ||||| |
Db        808 AGACTTTCAGGACCATTGGGACTAA 832


RESULT 9
AW276315/c
LOCUS       AW276315                 416 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  xr10b12.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW276315
VERSION     AW276315.1  GI:6663345
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Hom
REFERENCE   1  (bases 1 to 416)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Pran
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington Univ
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution informa
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 413.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .416
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2759711"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinom
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer:
                     Library constructed by Life Technologies."
ORIGIN

  Query Match             10.3%;  Score 416;  DB 10;  Length 416;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 1.2e-41;
  Matches  416;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy       3601 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGT

Qy       3661 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCT

Qy       3721 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG
```

```
ATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 3840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 177

ATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 3900
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 117

TGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 3960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 57

GGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 4016
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 1



296                    389 bp    mRNA    linear   EST 14-AUG-1997
02.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712562 5',
sequence.
296
296.1  GI:1924194

sapiens (human)
sapiens
yota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
lia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
ases 1 to 389)
GAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
nal Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
 Gene Index
lished (1997)
ct: Robert Strausberg, Ph.D.
: cgapbs-r@mail.nih.gov
clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
 Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
t Length: 2187   Std Error: 0.00
rimer: -28m13 rev2 ET from Amersham
quality sequence stop: 385.
    Location/Qualifiers
    1. .389
    /organism="Homo sapiens"
    /mol_type="mRNA"
    /db_xref="taxon:9606"
    /clone="IMAGE:712562"
    /tissue_type="germinal center B cell"
    /lab_host="DH10B"
    /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
    /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
    polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
    was prepared from human tonsillar cells enriched for
    germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
    provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
    (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER). cDNA synthesis was
    primed with a Not I - oligo(dT) primer
    [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
    ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
    (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
    and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
    went through one round of normalization, and was
    constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."


          9.5%;  Score 385.8;  DB 9;  Length 389;
larity   99.5%;  Pred. No. 6.4e-38;
Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

AAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 1745
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 60
```

```
Qy        1746 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGT
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGT

Qy        1806 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGG

Qy        1866 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCC

Qy        1926 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTC

Qy        1986 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAG
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAG

Qy        2046 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 2074
               |||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 389


RESULT 11
CF531121
LOCUS       CF531121                    688 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-m-21-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA
            IMAGE:30355988 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531121
VERSION     CF531121.1  GI:34583085
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Mur
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, Universit
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, Universit
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of I
             Clone Distribution: Distribution information can be fou
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anato
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .688
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355988"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1:
                     Site_2: Not I; The library was constructed acco
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with
                     primer containing a Not I site. Double strand c
                     size selected according to mRNA size fraction,
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then
                     directionally into pYX-Asc vector. The library
                     sequence located between the Not I site and the
     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
     Developing Mouse Nervous System', supported by National
     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
     program coordinator."

            8.6%;  Score 346.2;  DB 14;  Length 688;
ilarity    73.9%;  Pred. No. 3.9e-33;
 Conservative     0;  Mismatches  155;  Indels    0;  Gaps    0;

CGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCG 106
|||||     | | ||| | |||||||| || ||||  || |||||||| ||||||||
CGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCG 122

GCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGG 166
|||  ||||| ||||||  ||||||||| || || |||||||||||||||||| ||||
GCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGG 182

GGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCT 226
||||||| ||||| | ||||||||||  |   | |||| |  |||| ||||| |||||
GGCGGCTTGTGCAACCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCT 242

TGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTC 286
||||| ||| ||||| | ||| ||| || || |||| ||  ||||||| |||||||||
TGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTC 302

GCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAA 346
 |||||| |||||||||||| | ||  ||||||| || |||||||||  || ||  ||
CCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAA 362

TGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTT 406
||||||| || ||||| | ||||||  ||| |||| | || || || |||  ||||||
TGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTT 422

CCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGG 466
| |  |||||||| |||||| ||||||||||| || |  ||  | ||||| |  || ||
CTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGG 482

CGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACG 526
| |||  ||| ||| || |||| |||||||||||| |||||||  ||||||||||||
CATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACA 542

GCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCT 586
| || || | | | |||||| | |||||||| |||||||||| | |  ||||
GTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCCANGAGC 602

ACCAGCTCGGCGCTGCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGAC 639
   | | |  |  | | |||||   |  ||  |   ||  |   | || |
CTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCC 655


1069                 649 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
-FY0-cgp-c-19-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
E:30355746 5', mRNA sequence.
1069
1069.1  GI:34583033

musculus (house mouse)
musculus
ryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
alia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
bases 1 to 649)
MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
onal Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
blished (1999)
act: Robert Strausberg, Ph.D.
l: cgapbs-r@mail.nih.gov
ue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
A Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
A Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
```

```
            DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of
            Clone Distribution: Distribution information can be fo
           http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
            This clone was contributed by the Brain Molecular Anat
           (BMAP)
           Seq primer: pYX-5.
FEATURES            Location/Qualifiers
     source         1..649
                    /organism="Mus musculus"
                    /mol_type="mRNA"
                    /strain="C57BL/6"
                    /db_xref="taxon:10090"
                    /clone="IMAGE:30355746"
                    /tissue_type="whole brain"
                    /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                    /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                    /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                    /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1:
                    Site_2: Not I; The library was constructed acc
                    Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6
                    1996. Denatured RNA was size fractionated on a
                    gel. First strand cDNA synthesis was primed wit
                    primer containing a Not I site. Double strand
                    size selected according to mRNA size fraction,
                    with EcoR I adaptor, digested with NotI and the
                    directionally into pYX-Asc vector. The library
                    sequence located between the Not I site and the
                    is AGCGAGACAG. This library was created for the
                    Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discov
                    Developing Mouse Nervous System', supported by
                    Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin,
                    program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             8.4%;  Score 340.4;  DB 14;  Length 649;
  Best Local Similarity   77.3%;  Pred. No. 2e-32;
  Matches  413;  Conservative    0;  Mismatches  121;  Indels    0;

Qy         47 CCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCT
              |||||||     | | ||| | |||||||| || ||||  || |||||||| ||
Db         26 CCCGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCT

Qy        107 CAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCC
              |||||  ||||| ||||||  ||||||||| || || |||||||||||||||||
Db         86 CAGCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCC

Qy        167 CTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCA
              | ||||||| ||||| | ||||||||||  |   | |||| |  |||| |||||
Db        146 CAGGCGGCTTGTGCAACCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCA

Qy        227 GGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCA
               |||||| ||| ||||| | ||| ||| || || |||| ||  ||||||| |||
Db        206 AGTGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCA

Qy        287 CTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGC
               | |||||| |||||||||||| | ||  ||||||| || |||||||||  ||
Db        266 ATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGA

Qy        347 CGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGA
              ||||||||| || ||||| | ||||||  ||| |||| | || || || |||
Db        326 CGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCAT

Qy        407 CACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGG
              ||| |  |||||||| |||||| ||||||||||| || |  ||  | ||||| |
Db        386 CACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGT

Qy        467 GGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCT
               || |||  ||| ||| || |||| |||||||||||| |||||||  |||||||
Db        446 TGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCT

Qy        527 CTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCC
              ||| || || | | | |||||| | |||||||| |||||||||| | |  ||||
Db        506 CTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCC
```

```
3671                    599 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
3671 RIKEN full-length enriched, 8 days embryo Mus musculus
 clone 5730412M20 5', mRNA sequence.
3671
3671.1  GI:16458173

musculus (house mouse)
musculus
ryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
alia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
bases 1 to 599)
awa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
o,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
be,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
da,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
N Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
blished (2001)
act: Yoshihide Hayashizaki
ratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
nces Center(GSC), Yokohama Institute
Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
 81-45-503-9222
 81-45-503-9216
l: genome-res@gsc.riken.go.jp,
http://genome.gsc.riken.go.jp/
nci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
 M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
alization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
are full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
s. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
.,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
iki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
ura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
Hayashizaki,Y.
EN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
encing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
.1), 1757-1771 (2000)
no,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
hara,Y. and Hayashizaki,Y.
puter-based methods for the mouse full-length cDNA
clopedia: real-time sequence clustering for construction of a
edundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
do,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
va,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
shizaki,Y.
putational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
 Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
ase visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
her details.
ouse tissues.
    Location/Qualifiers
    1. .599
    /organism="Mus musculus"
    /mol_type="mRNA"
    /strain="C57BL/6J"
    /db_xref="taxon:10090"
    /clone="5730412M20"
    /sex="mixed"
    /dev_stage="8 days embryo"
    /lab_host="DH10B"
    /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 8 days embryo"
    /note="Site_1: SalI; Site_2: BamHI; cDNA library was
    prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
    Project of Genome Exploration Research Group in Riken
    Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
```

```
            RIKEN. Division of Experimental Animal Research
            contributed to prepare mouse tissues. 1st stran
            primed with a primer [5'
            GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3']
            prepared by using trehalose thermo-activated re
            transcriptase and subsequently enriched for ful
            cap-trapper. cDNA went through one round of sub
            Rot = 100.0 Second strand cDNA was prepared wit
            primer adapter of sequence [5'
            GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCC 3
            was cloned into the XhoI and BamHI sites. Vecto
            modified pBluescript KS(+) after bulk excision
            FLC I. Cloning sites, 5' end: SalI; 3' end: Bam
ORIGIN

  Query Match            8.0%;  Score 322;  DB 10;  Length 599;
  Best Local Similarity  74.9%;  Pred. No. 3.8e-30;
  Matches  403;  Conservative    0;  Mismatches  135;  Indels    0;

Qy          9 CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCG
              || |  ||| || || | | | |  |      |    |||||||     | |
Db         61 CACCCTTGCATCTTGGTTCCCGCACGTGGAGGCCCATCCCGGCCTTGAGCACA

Qy         69 CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG
              |||||||| || ||||  || |||||||| |||||||||||||  ||||| |||
Db        121 CGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG

Qy        129 CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG
              |||||||| || || |||||||||||||||||| ||||| ||||||| |||||
Db        181 CCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA

Qy        189 GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG
              ||||||  |   | |||| |  |||| ||||| ||||| |||||| ||| ||||
Db        241 GACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG

Qy        249 CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG
              | ||| || || |||| ||  ||||||| ||||||||| | |||||| ||||||
Db        301 CAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG

Qy        309 CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC
               | ||  ||||||| || |||||||||  || ||  ||||||||||| || |||
Db        361 AGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC

Qy        369 CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC
              |||||  ||| |||| | || || || |||  ||||||||| |  ||||||||
Db        421 CTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT

Qy        429 CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG
               |||||||||| || |  ||  | ||||| |  || || || |||  ||| |||
Db        481 TTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG

Qy        489 CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG
              || |||||||||||| |||||||  |||||||||||| ||| || || | | |
Db        541 CGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT

RESULT 14
BQ258274
LOCUS       BQ258274                 664 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  NISC_kp11g04.q3 Baker mouse embryo e7.5 Mus musculus cDN
            IMAGE:5409222, mRNA sequence.
ACCESSION   BQ258274
VERSION     BQ258274.1  GI:20459030
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eutel
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Muri
REFERENCE   1  (bases 1 to 664)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
```

```
act: Robert Strausberg, Ph.D.
l: cgapbs-r@mail.nih.gov
 Library Preparation: J. Baker (Stanford University)
A Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium/LLNL
 Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
encing Center (NISC)
ne distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
d through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
@image.llnl.gov
:1845958
e: LLAM12043  row: N  column: 7
primer: Sp6 primer.
     Location/Qualifiers
     1..664
     /organism="Mus musculus"
     /mol_type="mRNA"
     /strain="CD-1"
     /db_xref="taxon:10090"
     /clone="IMAGE:5409222"
     /tissue_type="embryo, late gastrula"
     /dev_stage="embryo, 7.5 dpc"
     /lab_host="XL1-Blue"
     /clone_lib="Baker mouse embryo e7.5"
     /note="Vector: pCS105; Site_1: NotI; Site_2: SalI; cDNA
     made by oligo-dT priming. Directionally cloned into
     SalI/NotI sites using the following 5' adaptor:
     5'-TCGACCCACGCGTCCG-3'. Size-selected for average insert
     size 1.8-1.9 kb. Library constructed by J. Baker (Stanford
     University)."


          7.9%;  Score 317.8;  DB 13;  Length 664;
ilarity   68.3%;  Pred. No. 1.2e-29;
 Conservative    0;  Mismatches  177;  Indels   45;  Gaps    1;

CAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTG 1174
| | | ||||||| ||   |||| || ||||||| ||||||||||||  || |||||  |
TAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAG 68

GCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCC 1234
   ||||  | | | |||||    | ||| ||  | |  ||  |||||||| ||||||||
ATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCC 128

GTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGAC 1294
|||| |   ||||||| |  |||||| ||  ||||||  ||  |     ||||||| | |
GTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTC 188

CTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCC 1354
| |||  | | ||| | | |   |   |  |   | | || ||
TTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGGTGACAGATGCCT----------------- 232

GGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCT 1414
                             | ||||   ||| |   | |||  || |  |
-----------------------------TGAACACCAGCCCACCGCACCTCATGGATTT 263

CCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCG 1474
|||||| ||||||||| |||||||||||  || || ||  | ||||||||  ||  ||
CCGCCTGCACAGCAGTCCCTGGCAGGTATATGGTTTTCTTCGGGCCTGTCTCTGCAA 323

GGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACAC 1534
||||| |  |  | ||||||||   |||||||||| || |||||||||  | | ||||
GGTGTCTGCTAGTCTCTGGGGTACCAGGCACAATGAGCGCCGCTTCTTTAAGAACTT 383

GAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAA 1594
|||||||||||||  |||||||   | | |||||| || ||||||||  |||| ||||||
GAAGTTCATCTCGTTGGGGAAATACGGCAAGCTATCACTGCAGGAACTGATGTGGAA 443

GAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGC 1654
|||  ||   ||| |||    ||||| ||||| |||||||||    | | |||| || ||
GAAAGTAGAGGATTGCCACTGGCTCCGCAGCAGCCCAGGGAAGGACCGTGTCCCCGC 503

AGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGT 1714
|||||||||||||| | |||   ||||||||| | |||||||  ||||||||||
```

```
Db        504 TGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTGAT

Qy       1715 GTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCA
               ||||| ||  |||||||  |||||  ||||||||   ||||  |||| |||  ||  ||
Db        564 ATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTCCA

Qy       1775 CAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1815
              ||||||||| |||||||| |||||||| ||||||||| |||
Db        624 CAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 664


RESULT 15
AA811084/c
LOCUS       AA811084                 340 bp    mRNA    linear   EST
DEFINITION  oa85c05.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA811084
VERSION     AA811084.1  GI:2880695
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Eute
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Hom
REFERENCE   1  (bases 1 to 340)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D., David
            Ph.D., Gerald Marti, M.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fa
            Bonaldo, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequenc
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution informa
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Insert Length: 2249    Std Error: 0.00
            Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
            High quality sequence stop: 331.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..340
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:1319048"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a mo
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st
                     was prepared from human tonsillar cells enriche
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+,
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. Davi
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthe
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTT
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI a
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned int
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector.
                     went through one round of normalization, and wa
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonal
ORIGIN

  Query Match             7.8%;  Score 316.4;  DB 9;  Length 340;
  Best Local Similarity   99.1%;  Pred. No. 2.1e-29;
  Matches  339;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    2;

Qy       3692 TCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCAC
              ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        340 TCACTTCCCCACAGG-TGGCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCAC
```

```
GGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCT 3811
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCT 222

CCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCC 3871
||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
CCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCAACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCC 162

GAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTG 3931
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTG 102

CTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACT 3991
||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
CTGGATGGGGT-CCTGTGGGTCAAATTGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACT 43

TATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAA 4033
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1


 April 21, 2004, 23:41:35
ecs
```

```
                GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

ein search, using sw model

pril 21, 2004, 16:45:51 ; Search time 88 Seconds
                          (without alignments)
                          3634.588 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-2
961
 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

LOSUM62
apop 10.0 , Gapext 0.5

586107 seqs, 282547505 residues

its satisfying chosen parameters:      1586107

ngth: 0
ngth: 2000000000

Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

A_Geneseq_29Jan04:*
:  geneseqp1980s:*
:  geneseqp1990s:*
:  geneseqp2000s:*
:  geneseqp2001s:*
:  geneseqp2002s:*
:  geneseqp2003as:*
:  geneseqp2003bs:*
:  geneseqp2004s:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES
%
uery
atch Length DB  ID                          Description
-------------------------------------------------------------
00.0   1132  2  AAW46957                    Aaw46957 Human tel
00.0   1132  2  AAW90251                    Aaw90251 Human cat
00.0   1132  2  AAY28881                    Aay28881 Human tel
00.0   1132  2  AAY32090                    Aay32090 Human tel
00.0   1132  2  AAY43621                    Aay43621 A human t
00.0   1132  2  AAY26580                    Aay26580 Human tel
00.0   1132  4  AAG64859                    Aag64859 Heart mus
00.0   1132  4  AAG64329                    Aag64329 Human pro
00.0   1132  4  AAB99930                    Aab99930 Human tel
00.0   1132  4  AAB82765                    Aab82765 Human tel
00.0   1132  5  AAE29226                    Aae29226 Human tel
00.0   1132  5  AAU72735                    Aau72735 Human tel
00.0   1132  6  ABR42384                    Abr42384 Human tel
00.0   1132  6  ABR42063                    Abr42063 Human tel
00.0   1132  6  ABP56676                    Abp56676 Human tel
00.0   1132  6  ABR58045                    Abr58045 Human tel
00.0   1132  7  ADD21420                    Add21420 Human TER
00.0   1154  2  AAW61350                    Aaw61350 Human tel
00.0   1189  2  AAW47008                    Aaw47008 Glutathio
99.9   1285  2  AAW47000                    Aaw47000 HIS tagge
99.9   1132  2  AAW71376                    Aaw71376 Human tel
99.9   1132  2  AAY00627                    Aay00627 Human tel
99.9   1132  2  AAY00638                    Aay00638 Truncated
99.9   1132  2  AAY28401                    Aay28401 Human EST
99.9   1132  3  AAY96566                    Aay96566 hEST2, a
```

```
  26    5954    99.9    1132  7  ADC47061                      Adc47061
  27    5954    99.9    1132  7  ADE40482                      Ade40482
  28    5952    99.8    1132  2  AAW56113                      Aaw56113
  29    5927    99.4    1166  2  AAY00647                      Aay00647
  30    5918    99.3    1405  2  AAW56101                      Aaw56101
  31  5911.5    99.2    1199  2  AAW47007                      Aaw47007
  32    5882    98.7    1120  2  AAY00641                      Aay00641
  33    5873    98.5    1120  2  AAY00650                      Aay00650
  34    5721    96.0    1150  2  AAW47006                      Aaw47006
  35    5555    93.2    1053  2  AAY00640                      Aay00640
  36    5516    92.5    1093  2  AAY00649                      Aay00649
  37    5467    91.7    1041  2  AAY00652                      Aay00652
  38    5467    91.7    1041  2  AAY00643                      Aay00643
  39    5008    84.0     948  2  AAY00639                      Aay00639
  40    5004    83.9     948  2  AAY00648                      Aay00648
  41    4932    82.7     936  2  AAY00642                      Aay00642
  42    4923    82.6     936  2  AAY00651                      Aay00651
  43    4900    82.2     949  2  AAW61349                      Aaw61349
  44    4052    68.0     807  2  AAW46997                      Aaw46997
  45    4052    68.0     807  2  AAY00637                      Aay00637

                         ALIGNMENTS

RESULT 1
AAW46957
ID   AAW46957 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAW46957;
XX
DT   13-AUG-1998  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase.
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; hTRT; TRT; diagnosis;
KW   cell proliferation; cancer; ageing; ribonucleoprotein.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   GB2317891-A.
XX
PD   08-APR-1998.
XX
PF   01-OCT-1997;   97GB-00020890.
XX
PR   01-OCT-1996;   96US-00724643.
PR   18-APR-1997;   97US-00844419.
PR   25-APR-1997;   97US-00846017.
PR   06-MAY-1997;   97US-00851843.
PR   09-MAY-1997;   97US-00854050.
PR   14-AUG-1997;   97US-00911312.
PR   14-AUG-1997;   97US-00912951.
PR   14-AUG-1997;   97US-00915503.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
PA   (UYTE-) UNIV TECHNOLOGY CORP.
XX
PI   Cech TR,  Lingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harle
PI   Andrews WH;
XX
DR   WPI; 1998-171633/16.
DR   N-PSDB; AAV22379.
XX
PT   Pure and recombinant human Telomerase Reverse Transcriptase and
PT   variants - are useful in the diagnosis, prognosis and treatment
PT   proliferation conditions especially cancer and ageing.
XX
PS   Claim 3; Fig 17; 387pp; English.
XX
CC   The present sequence represents human telomerase reverse transcr
CC   (hTRT), which is a ribonucleoprotein. The present invention also
CC   describes the following methods: (A) determining whether a test
```

```
or of hTRT, by detecting the change in hTRT recombinant
olynucleotide, on administration of the compound; (B)
 of recombinant telomerase by contacting a protein preparation
 a telomerase RNA component; (C) detection of the hTRT RNA or
 sample by binding a relevant probe to the sample and
e complex formed or in the case of RNA detection, amplifying
 and correlating the presence of complex or amplification
 presence of hTRT in the sample; and (D) increasing the
n of a vertebrate cell by increasing hTRT expression; and (E)
n agent that causes an increase in cell vertebrate cell
n to create a medicament that inhibits ageing. A protein
 of hTRT and the polynucleotide encoding hTRT can be used in
ure of medicaments for inhibiting the effect of ageing or
bitors of telomerase activity can be used to treat conditions
ociated with high telomerase activity. A protein preparation
 also be used in the new methods

32 AA;

          100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 2
AAW90251
ID   AAW90251 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAW90251;
XX
DT   24-MAY-1999  (first entry)
XX
DE   Human catalytic telomerase sub-unit protein.
XX
KW   Human; catalytic telomerase subunit; therapy; diagnosis; hTC; a
KW   modulator; treatment; inhibit; cellular disorder; death; defect
KW   ageing; antisense; neoplastic cell; telomerase-related conditio
KW   tumour cell.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9859040-A2.
XX
PD   30-DEC-1998.
XX
PF   09-JUN-1998;   98WO-EP003468.
XX
PR   20-JUN-1997;   97DE-01026329.
PR   26-MAR-1998;   98DE-01013274.
PR   14-APR-1998;   98DE-01016496.
XX
PA   (FARB ) BAYER AG.
XX
PI   Hagen G,  Siegmund H,  Weichel W,  Wick M,  Zubov D;
XX
DR   WPI; 1999-081276/07.
DR   N-PSDB; AAV72117.
XX
PT   New catalytically active subunit of human telomerase - used in
PT   modulation of telomerase activity, particularly for treating ca
PT   ageing.
XX
PS   Claim 2; Fig 2; 76pp; German.
XX
CC   This sequence represents a novel human catalytic telomerase sub
CC   (hTC). This protein can be used in screening assays to identify
CC   modulators of telomerase and to treat or inhibit cellular disor
CC   death, defects and/or other pathological processes involving te
CC   particularly cancer and ageing (also suitable for this are agen
CC   stimulate, inhibit or mimic the activity of the subunit). Antis
```

```
s inhibit telomerase action (by binding to specific mRNA),
 in neoplastic cells and may be expressed in vivo. Antibodies
s of the protein, used as probes or primers, are used to
omerase-related conditions (especially neoplasia) by (i)
normal levels of the subunit protein in body fluids or
ii) by measuring the amount of the encoding nucleic acid.
f the nucleic acid encoding the subunit mRNA is confined to
, in contrast to the ubiquitous expression of the telomerase


2 AA;

         100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy         901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy         961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy        1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy        1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 11
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 11


RESULT 3
AAY28881
ID   AAY28881 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAY28881;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase protein.
XX
KW   Human telomerase reverse transcriptase protein; hTRT; telomerase
KW   catalytic protein component; cell proliferative capacity; DNA pr
KW   telomerase substrate; telomeric DNA synthesis; cell immortality;
KW   neoplastic phenotype; diagnostic application; prognostic applica
KW   telomerase related condition; cancer; therapeutic agent;
KW   telomerase expression; telomerase activity.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   Misc-difference 608
FT                   /note= "Corresponds to cac codon"
XX
PN   WO9950279-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   31-MAR-1999;   99WO-US007160.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-00052919.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
PA   (UYTE-) UNIV TECHNOLOGY CORP.
XX
PI   Cech TR,  Lingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harle
PI   Andrews WH;
XX
DR   WPI; 1999-610834/52.
DR   N-PSDB; AAZ08150.
XX
PT   Antisense polynucleotides for human telomerase reverse transcrip
PT   for diagnosing or treating cancer.
XX
PS   Claim 2; Fig 2; 31pp; English.
XX
CC   The present sequence is human telomerase reverse transcriptase p
CC   This is the catalytic protein component of telomerase and is als
CC   referred to as hEST2. HTRT has the ability to extend a DNA prime
CC   functions as a telomerase substrate for telomeric DNA synthesis.
CC   correlates with cell proliferative capacity, cell immortality, a
CC   development of a neoplastic phenotype. Human TRT antisense
CC   oligonucleotides are useful for diagnostic or prognostic applica
CC   telomerase related conditions, including cancer. They are also u
```

```
agents, for inhibition of telomerase expression and activity

32 AA;

            100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
ilarity    100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative      0;  Mismatches     0;  Indels     0;  Gaps     0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 4
AAY32090
ID   AAY32090 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAY32090;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase (hTRT).
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; human; hTRT; cell proliferati
KW   cancer.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9950386-A2.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   31-MAR-1999;   99WO-US007097.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-00052864.
PR   03-AUG-1998;   98US-00128354.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB;
XX
DR   WPI; 1999-610842/52.
DR   N-PSDB; AAZ20279.
XX
PT   New catalytic polypeptide and polynucleotide, useful for increa
PT   catalytic activity in a cell.
XX
PS   Claim 13; Fig 1; 24pp; English.
XX
CC   The present sequence represents human telomerase reverse transc
CC   (hTRT). Human telomerase is a target for diagnosing and treatin
CC   relating to cell proliferation and senescence, such as cancer,
CC   increasing the proliferative capacity of a cell. A claimed meth
CC   increasing the proliferative capacity of a vertebrate cell, esp
CC   human or other mammalian cell, involves introducing into the ce
CC   recombinant hTRT polynucleotide encoding an hTRT variant in whi
CC   residues 192-323, 200-323, 192-271, 200-271, 222-240, 415-450,
CC   and 415-450, or 192-271 and 415-450 of the present sequence are
CC   A claimed method of preparing recombinant telomerase involves c
CC   a recombinant hTRT deletion mutant (as above) with a telomerase
CC   component such that the 2 proteins associate to form a complex
CC   catalysing the addition of nucleotides to a telomerase substrat
CC   claimed method for reducing telomerase activity in a cell invol
CC   introducing a recombinant polynucleotide encoding an hTRT varia
CC   a deletion of amino acids 192-450, 560-565, 637-660, 638-660, 7
CC   1055-1071 of the present sequence
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

RESULT 5
AAY43621
ID   AAY43621 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAY43621;
XX
DT   26-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   A human telomerase reverse transcriptase (TRT) polypeptide.
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; TRT; T lymphocyte acti
KW   dendritic cell; telomerase activity; cancer cell; proliferating
KW   immunological destruction; telomerase; cancer; proliferation di
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9950392-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   30-MAR-1999;   99WO-US006898.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-0112006P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Gaeta FCA;
XX
DR   WPI; 1999-610845/52.
DR   N-PSDB; AAZ30154.
XX
PT   Eliciting an in vivo immune response for prevention and treatme
PT   cancers.
XX
PS   Claim 3; Fig 1; 26pp; English.
XX
CC   The present sequence represents a human telomerase reverse tran
CC   (TRT) polypeptide. The protein is used in the method of the inv
CC   The specification describes a method for activating a T lymphoc
CC   comprising contacting the T lymphocyte with a dendritic cell th
CC   expresses a TRT peptide in the context of a MHC class I or MHC
CC   molecule. The protein causes induction of an in vivo immunologi
CC   response to telomerase activity. Cancer cells are characterized
CC   expression of endogenous TRT gene and the presence of detectabl
CC   telomerase activity. Therefore, by eliciting a specific immune
CC   to TRT or to TRT-expressing cells, it is possible to selectivel
CC   proliferating cells for immunological destruction. The method i
CC   eliciting an in vivo immune response to telomerase by activatin
CC   lymphocyte, and is useful for prevention and treatment of cance
CC   other proliferation diseases/conditions
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLF
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


ndard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

rase reverse transcriptase (hTERT) enzyme.
```

```
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; TERT; mouse; telomere length
KW   immunogen; enzyme; telomerase-mediated DNA replication; human.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9927113-A1.
XX
PD   03-JUN-1999.
XX
PF   25-NOV-1998;   98WO-US025211.
XX
PR   26-NOV-1997;   97US-00979742.
PR   16-MAR-1998;   98US-00042460.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
PA   (YESH ) UNIV YESHIVA EINSTEIN COLLEGE.
XX
PI   Morin GB,  Allsopp R,  Depinho R,  Greenberg R;
XX
DR   WPI; 1999-347722/29.
XX
PT   Mouse telomerase reverse transcriptase (mTERT) enzyme proteins
PT   nucleic acids.
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 135pp; English.
XX
CC   The invention relates to a mouse telomerase reverse transcripta
CC   enzyme. Compositions containing mTERT can be used in telomere l
CC   assays. Isolated mTERT is useful as an immunogen for the produc
CC   monoclonal or polyclonal antibodies. The method is useful for a
CC   the degree of purification and identification of new mTERT spec
CC   as an mTERT allele, homolog or isoform, or to screen for modula
CC   (antagonists and agonists) of telomerase-mediated DNA replicati
CC   Antagonists and agonists of mTERT can be used to modify the act
CC   other telomerase enzymes such as human TERT (hTERT). The presen
CC   represents a human TERT enzyme
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
```

```
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

Qy      ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

Qy      FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

Qy      AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

Qy      VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

Qy      RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

Qy      SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

Qy      LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

Qy      VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

Qy      FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

Qy      VWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      VWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

Qy      HRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      HRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


RE
AA
ID      dard; protein; 1132 AA.
XX
AC
XX
DT      (first entry)
XX
DE      cell differentiation related protein SEQ ID NO: 31.
XX
KW      cell; human; cell differentiation; heart disease.
XX
OS      .
XX
PN      1.
XX
PD
XX
PF      2000WO-JP009323.
XX
PR        99JP-00372826.
PR      2000WO-JP001148.
PR      2000WO-JP007741.
XX
PA      HAKKO KOGYO KK.
```

```
XX
PI   Umezawa A,  Hata J,  Fukuda K,  Ogawa S,  Sakurada K,  Gojo S;
PI   Yamada Y;
XX
DR   WPI; 2001-425656/45.
DR   N-PSDB; AAH48235.
XX
PT   Cells capable of differentiating into cardiomyocytes and origin
PT   bone marrow or umbilical blood cells for study of cardiomyocyte
PT   differentiation and treatment of heart disease.
XX
PS   Claim 87; Page 143-147; 183pp; Japanese.
XX
CC   The present invention provides cells originating in the human b
CC   or umbilical blood cells which are capable of differentiating i
CC   cardiomyocytes. These cells are useful in the treatment of dise
CC   involving heart muscle degeneration, such as myocardial infarcti
CC   the study of cardiomyocyte differentiation. The present sequence
CC   protein described in the exemplification of the invention
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
```

```
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


ndard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

n #2.

; cardiant; cell differentiating agent; bone marrow;
 cell; heart disease; human.

.

A1.


 2000WO-JP001148.

   99JP-00372826.

A HAKKO KOGYO KK.

Hata J,  Fukuda K,  Ogawa S,  Sakurada K;

8252/44.
9601.

ne marrow-originated cells capable of differentiating into
 cells, applicable as remedies for various heart diseases
 with damaged heart muscle accompanying degeneration.

Page 128-134; 158pp; Japanese.

invention relates to cells isolated from bone marrow, which
of at least differentiating into heart muscle cells. The
plicable as remedies for various heart diseases particularly
 heart muscle accompanying degeneration. The present sequence
illustrate the present invention

2 AA;
```

```
  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGS
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGS

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYG

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIR
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIR

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHAC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHAC
```

```
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



ndard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

rase protein sequence SEQ ID NO:31.

ion; heart muscle cell; cytokine; transcription factor;
n; surface antigen; heart disease; cardiomyocyte;
 umbilical blood cell; heart muscle degeneration;
nfarction.

.

A1.


 2000WO-JP007741.

   99JP-00372826.
 2000WO-JP001148.

A HAKKO KOGYO KK.

Hata J,  Fukuda K,  Ogawa S,  Sakurada K,  Gojo S;


5655/45.
4366.

e of differentiating into cardiomyocytes and originating in
or umbilical blood cells for study of cardiomyocyte
ion and treatment of heart disease.

age 137-141; 187pp; Japanese.

invention describes cells originating in bone marrow or
ood cells which are capable of differentiating into
es. Also described are: (1) cardiomyocytes produced by the
ion of the cells; (2) a method for carrying out the
ion into cardiomyocytes, regulated by a promotional and/or
actor; (3) a method for the differentiation of the cells into
her than cardiomyocytes; (4) drug compositions promoting the
 heart muscle and regeneration of heart tissue which contain
) a method for the production of antibodies which recognise
pecially antibodies which recognise a surface antigen on the
 method for screening factors which promote the proliferation
; (7) a method for immortalising the cells by expressing
 them; (8) drug compositions for the treatment of heart
 contain the immortalised cells; and (9) cell-free
rom the culture of the cells and its use in promoting their
ion into cardiomyocytes. The cells are used in the treatment
involving heart muscle degeneration, such as myocardial
d in the study of cardiomyocyte differentiation. AAH44351 to
 AAB99915 to AAB99935 represent sequences used in the
ion of the present invention

 AA;

      100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
```

```
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQ
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQ

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGS

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYG

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIR

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHAC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHAC

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



andard; protein; 1132 AA.


  (first entry)

erase reverse transcriptase.

reverse transcriptase; hTRT; human; cancer; tumour;
 lymphocyte; major histocompatibility complex;
cyte antigen; HLA-A2.1; vaccine.

s.

       Location/Qualifiers
       13. .21
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       23. .31
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       76. .84
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       96. .104
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       140. .148
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       152. .160
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       346. .354
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       353. .361
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       371. .379
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       388. .396
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       407. .415
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       487. .495
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       540. .548
       /label= p540
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       548. .556
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       555. .563
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       572. .580
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       705. .713
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       724. .732
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       772. .780
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       797. .805
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       812. .820
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       836. .844
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       863. .871
       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
       865. .873
       /label= p865
```

```
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             883. .891
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             926. .934
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             934. .942
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             969. .977
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             988. .996
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             1072. .1080
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             1079. .1087
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             1095. .1103
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
FT   Peptide             1122. .1130
FT                       /note= "HLA-A2.1 binding motif"
XX
PN   WO200160391-A1.
XX
PD   23-AUG-2001.
XX
PF   15-FEB-2001; 2001WO-US005143.
XX
PR   15-FEB-2000; 2000US-0182685P.
PR   15-FEB-2001; 2001US-00182685.
XX
PA   (REGC ) UNIV CALIFORNIA.
XX
PI   Zanetti M;
XX
DR   WPI; 2001-536552/59.
XX
PT   Vaccine for initiating and enhancing a cytotoxic T lymphocyte re
PT   for treating cancers or tumors or for inducing immune response a
PT   tumors, comprises a telomerase reverse transcriptase peptide.
XX
PS   Disclosure; Fig 5; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of human telomerase reverse transcr
CC   (hTRT). The sequence was analysed for 9-mer peptide sequences co
CC   known binding motifs for the human leukocyte antigen HLA-A2.1 mo
CC   From an initial panel of about 30 candidate peptides, 2 sequence
CC   denoted p540 (see AAB82772) and p865 (see AAB82773), were examin
CC   majority of healthy individuals as well as patients with prostat
CC   immunised in vitro against these 2 HLA-A2.1 restricted peptides
CC   hTRT-specific cytotoxic T lymphocytes (CTL). The cancer patients
CC   specifically lysed a variety of HLA-A2+ cancer cell lines such a
CC   prostate, breast, colon, lung and melanoma, demonstrating immuno
CC   recognition of endogenously-processed hTRT peptides. In vivo imm
CC   of HLA-A2.1 transgenic mice generated a specific CTL response ag
CC   both hTRT peptides. The induction of CTL responses in vitro and
CC   and the susceptibility to lysis of tumour cells of various origi
CC   hTRT CTL suggest that hTRT could serve as a universal cancer vac
CC   humans. Thus, a claimed universal vaccine for treating tumours o
CC   origin comprises at least 1 hTRT peptide in an amount effective
CC   initiating and enhancing a CTL response against cancer cells. Th
CC   is 7-15 amino acid residues in length and may be modified to enh
CC   binding to the major histocompatibility complex. Also claimed is
CC   for inducing and enhancing a CTL response against cancer cells,
CC   harvesting blood leucocytes, pulsing with hTRT, and contacting c
CC   cells with the pulsed leucocytes. A method for targeting CTL to
CC   cells is also claimed, and involves administering a hTRT peptide
CC   mammal, especially a cancer patient
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;
```

```
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

RESULT 11
AAE29226
ID   AAE29226 standard; protein; 1132 AA.
XX
AC   AAE29226;
XX
DT   27-JAN-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase (TERT).
XX
KW   Carbohydrate antigen; alpha(1,3)galactosyltransferase; alpha1,3
KW   transgenic; alpha(1,2)fucosyltransferase; alpha1,2FT; human; en
KW   telomerase reverse transcriptase.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200274948-A2.
XX
PD   26-SEP-2002.
XX
PF   21-MAR-2002; 2002WO-CA000378.
XX
PR   21-MAR-2001; 2001US-0277811P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Denning C,  Clark AJ,  Schiff JM;
XX
DR   WPI; 2002-759895/82.
DR   N-PSDB; AAD46821.
XX
PT   Mammalian cells, useful for producing animal tissues with carbo
PT   antigens that are compatible for transplantation into human pat
XX
PS   Disclosure; Page 34; 71pp; English.
XX
CC   The invention relates to animal tissues with carbohydrate antig
CC   are compatible for transplantation into human patients. The mam
CC   cell is inactivated homozygously for expression of alpha(1,3)ga
CC   transferase (alpha1,3GT) gene and comprises a transgene for alp
CC   fucosyltransferase (alpha1,2FT). It is useful for producing ani
CC   with carbohydrate antigens that are compatible for transplantati
CC   human patients. The present sequence is human telomerase revers
CC   transcriptase (TERT) used in the invention
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 5;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



ndard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

rase reverse transcriptase (TERT).

everse transcriptase; TERT; cytostatic; apoptosis;
inhibitor; antisense oligonucleotide; antisense technology.
```

```
XX
PN   WO200188198-A1.
XX
PD   22-NOV-2001.
XX
PF   15-MAY-2001; 2001WO-US015774.
XX
PR   16-MAY-2000; 2000US-00572423.
PR   07-DEC-2000; 2000US-00733294.
XX
PA   (ISIS-) ISIS PHARM INC.
XX
PI   Monia BP,  Gaarde WA,  Freier SM,  Wancewicz E;
XX
DR   WPI; 2002-075321/10.
DR   N-PSDB; AAS96607.
XX
PT   New compound targeted to nucleic acid molecule encoding telomer
PT   transcriptase (TERT), which specifically hybridizes with and in
PT   expression of TERT, useful for modulating apoptosis and inhibit
PT   growth.
XX
PS   Disclosure; Page 100-105; 154pp; English.
XX
CC   The invention describes a compound, 8-50 nucleobases in length
CC   to a nucleic acid molecule encoding human TERT (telomerase reve
CC   transcriptase), where the compound specifically hybridises with
CC   inhibits the expression of TERT. A series of oligonucleotides w
CC   designed to target different regions of the human TERT RNA. The
CC   nucleotides in length and composed of a central gap region cons
CC   ten 2'-deoxynucleotides, flanked on both sides (5' and 3' direc
CC   five-nucleotide wings. The wings were composed of 2'-methoxyeth
CC   MOE) nucleotides. The compounds were analysed for their effect
CC   TERT mRNA levels by reverse transcriptase (RT)-polymerase chain
CC   (PCR). The compound is useful for inhibiting the expression of
CC   cells or tissues, for treating a human having disease or condit
CC   associated with TERT, for modulating apoptosis, for inhibiting
CC   growth (preferably, cancer cell growth), in antisense therapy a
CC   diagnostics and therapeutics. This is the amino acid sequence o
CC   telomerase reverse transcriptase (TERT), described in the metho
CC   invention
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 5;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


dard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

ase reverse transcriptase.

verse transcriptase; TERT; enzyme; RNA interference;
ring RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contraceptive;
sive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
ory; human; gene therapy.

.

-A2.
```

```
PF   16-OCT-2002; 2002WO-US033065.
XX
PR   22-OCT-2001; 2001US-0345326P.
PR   20-FEB-2002; 2002US-0359196P.
PR   22-MAY-2002; 2002US-0383195P.
XX
PA   (UYRP ) UNIV ROCHESTER.
XX
PI   Rowley PT;
XX
DR   WPI; 2003-403336/38.
DR   N-PSDB; ACC58039.
XX
PT   Novel double-stranded short interfering RNA having sense and an
PT   nucleic acids which are complementary to each other and to targ
PT   acid e.g., telomerase RNA or mRNA encoding telomerase reverse
PT   transcriptase.
XX
PS   Disclosure; Fig 4; 37pp; English.
XX
CC   The present sequence is the protein sequence of human telomeras
CC   transcriptase (TERT). The invention relates to the discovery th
CC   stranded interfering RNAs, such as short interfering RNAs (siRN
CC   target telomerase RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting te
CC   activity. Inhibition of telomerase in cancer cells leads to tel
CC   shortening, end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Inter
CC   telomerase activity can also be used for treatment of infertili
CC   contraception or sterilisation, for immunosuppression, for trea
CC   yeast, parasite and fungal infections, and in antiinflammatory
CC   As telomerase is active in a limited number of cell types, e.g.
CC   cells, germline cells, certain stem cells of the haematopoietic
CC   and B cells, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most n
CC   cells are not affected by telomerase RNA interference therapy
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 6;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



andard; protein; 1132 AA.


 (first entry)

erase reverse transcriptase.

reverse transcriptase; TERT: enzyme; RNA interference;
ering RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contraceptive;
essive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
atory; human; gene therapy.

.

-A2.

.

 2002WO-US033146.

 2001US-0345326P.
 2002US-0359196P.
 2002US-0383195P.

 ROCHESTER.
```

```
PI   Rowley PT;
XX
DR   WPI; 2003-403289/38.
DR   N-PSDB; ACC57552.
XX
PT   Novel nucleic acid encoding or comprising interfering RNAs whic
PT   telomerase RNA, useful for inhibiting telomerase activity for t
PT   cancer, infertility and disorders of the immune system.
XX
PS   Disclosure; Fig 4; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of human telomerase reverse transc
CC   (TERT). The invention relates to the discovery that double-stra
CC   interfering RNAs, such as short interfering RNAs (siRNA), which
CC   telomerase RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting telomeras
CC   activity. Inhibition of telomerase in cancer cells leads to tel
CC   shortening, end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Inter
CC   telomerase activity can also be used for treatment of infertili
CC   contraception or sterilisation, for immunosuppression, for trea
CC   yeast, parasite and fungal infections, and in antiinflammatory
CC   As telomerase is active in a limited number of cell types, e.g.
CC   cells, germline cells, certain stem cells of the haematopoietic
CC   and B cells, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most n
CC   cells are not affected by telomerase RNA interference therapy
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 6;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

Qy          VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

Qy          RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

Qy          SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

Qy          LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

Qy          VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

Qy          FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

Qy          QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

Qy          RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



ID          ndard; protein; 1132 AA.
XX
AC
XX
DT           (first entry)
XX
DE          rase reverse transcriptase protein SEQ ID NO:2.
XX
KW          erase reverse transcriptase; enzyme; hTERT; chromosome 5;
KW          ntiulcer; epithelial cell migration promoter; wound;
KW          on; skin wound; lesion; burn; surgical incision; ulcer;
KW          ell; keratinocyte; epidermal; mucosal.
XX
OS          .
XX
PN          A2.
XX
PD
XX
PF           2002WO-US014867.
XX
PR           2001US-0289903P.
XX
PA          N CORP.
XX
PI          iu C,  Harley CB;
XX
DR          0591/11.
DR          2474.
XX
PT          for treating wounds and enhancing epithelization of a skin
PT          prises vector encoding telomerase reverse transcriptase or
PT          epithelial cells on a microparticle or a matrix.
XX
PS          Page 32; 68pp; English.
XX
```

```
CC   The present invention describes a pharmaceutical composition (I
CC   comprising a vector encoding telomerase reverse transcriptase (
CC   an excipient or device, or comprises telomerised epithelial cel
CC   microparticle or a matrix suitable for topical administration o
CC   administration to a wound site. (I) has vulnerary and antiulcer
CC   activities and can be used to promote epithelial cell migration.
CC   useful for treating a wound and enhancing epithelisation of a sk
CC   surface. The wound is especially skin wound including acute lesi
CC   as traumatic lesion, burn, or surgical incision, chronic lesion
CC   chronic venous ulcer, diabetic ulcer or compression ulcer and th
CC   is further monitored for closure. The telomerase activity or TER
CC   expression is increased in epithelial cells at the site of treat
CC   also in fibroblasts or endothelial cells at the site of treatmen
CC   epithelial cells are especially keratinocytes. A polynucleotide
CC   TERT is useful for the preparation of a medicament for treatment
CC   wound or an epithelial surface in a human or animal. An epitheli
CC   with increased telomerase activity or increased expression of TE
CC   useful for preparation of a medicament for the treatment of a wo
CC   human or animal. (I) is also useful for treating wounds of other
CC   epidermal surfaces including mucosal surfaces such as bronchus,
CC   nose, oesophagus, stomach, or intestine. The present sequence re
CC   human TERT (hTERT), which is given in the exemplification of the
CC   invention. hTERT is located to chromosome 5
XX
SQ   Sequence 1132 AA;

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 6;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
```

```
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
```

April 22, 2004, 00:13:35
s

```
                GenCore version 5.1.6
      Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

ein search, using sw model

april 22, 2004, 00:12:11 ; Search time 26 Seconds
                           (without alignments)
                           2247.715 Million cell updates/sec

JS-09-424-686F-2
5961
l MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

3LOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

389414 seqs, 51625971 residues

its satisfying chosen parameters:      389414

ngth: 0
ngth: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 Issued_Patents_AA:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/5A_COMB.pep:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/5B_COMB.pep:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/6A_COMB.pep:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/6B_COMB.pep:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/PCTUS_COMB.pep:*
 :  /cgn2_6/ptodata/2/iaa/backfiles1.pep:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES

%
uery
atch Length DB  ID                          Description
-----------------------------------------------------------
00.0    1132  3  US-08-851-843A-225         Sequence 225, App
00.0    1132  3  US-08-974-549A-2           Sequence 2, Appli
00.0    1132  3  US-08-854-050-225          Sequence 225, App
00.0    1132  4  US-09-430-323-225          Sequence 225, App
00.0    1132  4  US-09-128-354-2            Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-09-675-321-2            Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-09-052-919-2            Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-08-912-951-2            Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-09-402-181B-2           Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-09-721-456-2            Sequence 2, Appli
00.0    1132  4  US-09-953-052-2            Sequence 2, Appli
00.0    1154  3  US-08-974-549A-611         Sequence 611, App
00.0    1154  4  US-08-912-951-323          Sequence 323, App
00.0    1154  4  US-09-402-181B-611         Sequence 611, App
00.0    1154  4  US-09-721-456-611          Sequence 611, App
00.0    1189  3  US-08-974-549A-613         Sequence 613, App
00.0    1189  4  US-08-912-951-325          Sequence 325, App
00.0    1189  4  US-09-402-181B-613         Sequence 613, App
00.0    1189  4  US-09-721-456-613          Sequence 613, App
00.0    1200  3  US-08-974-549A-612         Sequence 612, App
00.0    1200  4  US-08-912-951-324          Sequence 324, App
00.0    1200  4  US-09-402-181B-612         Sequence 612, App
00.0    1200  4  US-09-721-456-612          Sequence 612, App
00.0    1285  3  US-08-974-549A-600         Sequence 600, App
00.0    1285  4  US-08-912-951-314          Sequence 314, App
00.0    1285  4  US-09-402-181B-600         Sequence 600, App
00.0    1285  4  US-09-721-456-600          Sequence 600, App
```

```
 28    5952    99.8    1132  3  US-08-974-549A-344       Sequence
 29    5952    99.8    1132  4  US-09-402-181B-344       Sequence
 30    5952    99.8    1132  4  US-09-721-456-344        Sequence
 31    5952    99.8    1407  3  US-08-974-549A-628       Sequence
 32    5952    99.8    1407  4  US-08-912-951-334        Sequence
 33    5952    99.8    1407  4  US-09-402-181B-628       Sequence
 34    5952    99.8    1407  4  US-09-721-456-628        Sequence
 35    4052    68.0     807  3  US-08-974-549A-5         Sequence
 36    4052    68.0     807  4  US-08-912-951-5          Sequence
 37    4052    68.0     807  4  US-09-402-181B-5         Sequence
 38    4052    68.0     807  4  US-09-721-456-5          Sequence
 39  3819.5    64.1    1003  3  US-08-851-843A-217       Sequence
 40  3819.5    64.1    1003  3  US-08-974-549A-336       Sequence
 41  3819.5    64.1    1003  3  US-08-854-050-217        Sequence
 42  3819.5    64.1    1003  4  US-09-430-323-217        Sequence
 43  3819.5    64.1    1003  4  US-09-402-181B-336       Sequence
 44  3819.5    64.1    1003  4  US-09-721-456-336        Sequence
 45    3134    52.6     622  4  US-09-582-924B-12        Sequence

                       ALIGNMENTS

RESULT 1
US-08-851-843A-225
; Sequence 225, Application US/08851843A
; Patent No. 6093809
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6093809el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/851,843A
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  225:
```

```
ARACTERISTICS:
1132 amino acids
ino acid
  linear
PE:  protein
25

          100.0%;  Score 5961;  DB 3;  Length 1132;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

RESULT 2
US-08-974-549A-2
; Sequence 2, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
```

```
;    N NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;    E:  01-OCT-1997
;    NT INFORMATION:
;    le, Randolph Ted
;    ON NUMBER:  36,429
;    DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    ATION INFORMATION:
;      (415) 576-0200
;     (415) 576-0300
;    R SEQ ID NO:  2:
;    RACTERISTICS:
;    132 amino acids
;    no acid
;     linear
;    E:  protein

              100.0%;  Score 5961;  DB 3;  Length 1132;
     larity   100.0%;  Pred. No. 0;
     Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy   APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

Qy   PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

Qy   PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

Qy   ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

Qy   PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

Qy   HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

Qy   IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

Qy   GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

Qy   ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

Qy   FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

Qy   AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

Qy   VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

Qy   RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
```

```
Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 11
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 11

RESULT 3
US-08-854-050-225
; Sequence 225, Application US/08854050
; Patent No. 6261836
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6261836el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
```

```
ON NUMBER:  36,429
DOCKET NUMBER:  015389-002930US
ATION INFORMATION:
  (415) 576-0200
 (415) 576-0300
R SEQ ID NO:  225:
RACTERISTICS:
132 amino acids
no acid
 linear
E:  protein

          100.0%;  Score 5961;  DB 3;  Length 1132;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative     0;  Mismatches     0;  Indels     0;  Gaps     0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
```

```
Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 4
US-09-430-323-225
; Sequence 225, Application US/09430323
; Patent No. 6309867
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: No. 6309867el Telomerase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 225
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/430,323
;             FILING DATE: 29-Oct-1999
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 1132 amino acids
;             TYPE: amino acid
```

```
OLOGY: linear
TYPE: protein
DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:

          100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
```

```
Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

RESULT 5
US-09-128-354-2
; Sequence 2, Application US/09128354
; Patent No. 6337200
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Morin, Gregg B.
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
;  FILE REFERENCE: 015389-003310US
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/128,354
;  CURRENT FILING DATE: 1998-08-03
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;  EARLIER FILING DATE: 1997-05-06
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;  EARLIER FILING DATE: 1997-05-09
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;  EARLIER FILING DATE: 1997-10-01
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;  EARLIER FILING DATE: 1997-10-01
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;  EARLIER FILING DATE: 1997-11-19
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;  EARLIER FILING DATE: 1997-11-19
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  EARLIER FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1132
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-128-354-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

GVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

GLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


lication US/09675321
735
ATION:
ta, Federico C.A.
ron Corporation
NTION: Methods and Compositions for Eliciting an Immune
NTION:  Response to a Telomerase Antigen
: 015389-003500PC
CATION NUMBER: US/09/675,321
 DATE:  2000-09-28
ION NUMBER: US 60/112,006
```

```
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1132
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-675-321-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



lication US/09052919
650
ATION:
 Cech, Thomas R.
 Lingner, Joachim
 Nakamura, Toru
 Chapman, Karen B.
 Morin, Gregg B.
 Harley, Calvin B.
 Andrews, William H.
ENTION:  Antisense Compositions for Detecting and
ENTION:  Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
QUENCES:  72
CE ADDRESS:
   Townsend and Townsend and Crew LLP
wo Embarcadero Center, Eighth Floor
 Francisco
lifornia
 USA
1-3834
DABLE FORM:
E:  Floppy disk
  IBM PC compatible
 SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
ICATION DATA:
N NUMBER:  US/09/052,919
E:  31-MAR-1998
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/724,643
E:  01-OCT-1996
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/844,419
E:  18-APR-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/846,017
E:  25-APR-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/851,843
E:  06-MAY-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/854,050
E:  09-MAY-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/911,312
E:  14-AUG-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/912,951
E:  14-AUG-1997
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/915,503
```

```
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/974,549
;       FILING DATE:  19-NOV-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/974,584
;       FILING DATE:  19-NOV-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Parent, Annette S.
;       REGISTRATION NUMBER:  42,058
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-003600US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  1132 amino acids
;       TYPE:  amino acid
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  protein
US-09-052-919-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
```

```
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



lication US/08912951
789
ATION:
 Cech, Thomas R.
 Lingner, Joachim
 Nakamura, Toru
 Chapman, Karen B.
 Morin, Gregg B.
 Harley, Calvin
 Andrews, William H.
ENTION:  HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
ENTION:  THERAPEUTIC METHODS
QUENCES:  335
CE ADDRESS:
  Townsend and Townsend and Crew LLP
wo Embarcadero Center, 8th Floor
 Francisco
lifornia
 United States of America
1
DABLE FORM:
E:  Floppy disk
  IBM PC compatible
 SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
ICATION DATA:
N NUMBER:  US/08/912,951
E:  14-AUG-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/854,050
E:  09-MAY-1997
TION:  435
ATION DATA:
N NUMBER:  US 08/851,843
```

```
;       FILING DATE:  06-MAY-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;       FILING DATE:  25-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;       FILING DATE:  18-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;       FILING DATE:  01-OCT-1996
;       CLASSIFICATION:  435
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Apple,  Randolph T.
;       REGISTRATION NUMBER:  36,429
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002600US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  2:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  1132 amino acids
;       TYPE:  amino acid
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  protein
US-08-912-951-2

  Query Match            100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
```

```
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


lication US/09402181B
839
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin B.
   Andrews, William H.
 INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
F SEQUENCES: 633
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: USA
: 94111-3834
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/402,181B
ING DATE: 29-Sep-1997
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
```

```
;           FILING DATE: 25-APR-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;           FILING DATE: 06-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;           FILING DATE: 09-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Ausenhus, Scott L.
;           REGISTRATION NUMBER: 42,271
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 1132 amino acids
;           TYPE: amino acid
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-09-402-181B-2

  Query Match            100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
```

```
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


plication US/09721456
7110
RMATION:
NT: Cech, Thomas R.
    Lingner, Joachim
    Nakamura, Toru
    Chapman, Karen B.
    Morin, Gregg B.
    Harley, Calvin B.
    Andrews, William H.
F INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
OF SEQUENCES: 727
ONDENCE ADDRESS:
DRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
REET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
TY: San Francisco
ATE: California
UNTRY: USA
P: 94111-3834
R READABLE FORM:
DIUM TYPE: Floppy disk
MPUTER: IBM PC compatible
ERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
FTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/09/721,456
LING DATE: 22-No. 6617110-2000
ASSIFICATION: <Unknown>
PPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/08/974,549A
LING DATE: 19-NOV-1997
PLICATION NUMBER: US 08/724,643
LING DATE: 01-OCT-1996
PLICATION NUMBER: US 08/844,419
```

```
;          FILING DATE: 18-APR-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;          FILING DATE: 25-APR-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;          FILING DATE: 06-MAY-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;          FILING DATE: 09-MAY-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;          FILING DATE: 14-AUG-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;          FILING DATE: 14-AUG-1997
;          APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;          FILING DATE: 14-AUG-1997
;          APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;          FILING DATE: 01-OCT-1997
;          APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;          FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;          NAME: Apple, Randolph Ted
;          REGISTRATION NUMBER: 36,429
;          REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;          TELEPHONE: (415) 576-0200
;          TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;          LENGTH: 1132 amino acids
;          TYPE: amino acid
;          TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-09-721-456-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
```

```
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


lication US/09953052
619
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin B.
   Andrews, William H.
 INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
            Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
F SEQUENCES: 72
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: USA
: 94111-3834
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/953,052
ING DATE: 14-Sep-2001
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
```

```
;           APPLICATION NUMBER: 09/052,919
;           FILING DATE: <Unknown>
;           APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;           FILING DATE: 18-APR-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;           FILING DATE: 25-APR-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;           FILING DATE: 06-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;           FILING DATE: 09-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;           FILING DATE: 19-NOV-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;           FILING DATE: 19-NOV-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Parent, Annette S.
;           REGISTRATION NUMBER: 42,058
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 1132 amino acids
;           TYPE: amino acid
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-09-953-052-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAI
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAI

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLI
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLI

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


1
pplication US/08974549A
178
ATION:
Cech, Thomas R.
Lingner, Joachim
Nakamura, Toru
Chapman, Karen B.
Morin, Gregg B.
Harley, Calvin B.
Andrews, William H.
ENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
QUENCES:  727
CE ADDRESS:
  Townsend and Townsend and Crew LLP
wo Embarcadero Center, Eighth Floor
 Francisco
lifornia
USA
1-3834
DABLE FORM:
E:  Floppy disk
 IBM PC compatible
SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
```

```
;       SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;     CURRENT APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;       FILING DATE:  19-NOV-1997
;       CLASSIFICATION:  536
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;       FILING DATE:  01-OCT-1996
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;       FILING DATE:  18-APR-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;       FILING DATE:  25-APR-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;       FILING DATE:  06-MAY-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;       FILING DATE:  09-MAY-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;       FILING DATE:  14-AUG-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;       FILING DATE:  01-OCT-1997
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Apple, Randolph Ted
;       REGISTRATION NUMBER:  36,429
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  611:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  1154 amino acids
;       TYPE:  amino acid
;       STRANDEDNESS:
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  protein
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  Protein
;       LOCATION:  1..1154
;       OTHER INFORMATION:  /note= "fusion protein composed of hTRT
;       OTHER INFORMATION:  protein sequence, vector sequences, the
;       OTHER INFORMATION:  Myc epitope and His6 tag"
US-08-974-549A-611

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 3;  Length 1154;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPI
```

```
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132




pplication US/08912951
789
ATION:
Cech, Thomas R.
Lingner, Joachim
Nakamura, Toru
```

```
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGN
;    TITLE OF INVENTION:  THERAPEUTIC METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  335
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  435
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002600US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  323:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1154 amino acids
;      TYPE:  amino acid
;      STRANDEDNESS:
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  protein
US-08-912-951-323

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1154;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

GLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


1
Application US/09402181B
839
RMATION:
NT: Cech, Thomas R.
```

```
;                    Lingner, Joachim
;                    Nakamura, Toru
;                    Chapman, Karen B.
;                    Morin, Gregg B.
;                    Harley, Calvin B.
;                    Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;        NUMBER OF SEQUENCES: 633
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
;             ZIP: 94111-3834
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/402,181B
;             FILING DATE: 29-Sep-1997
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Ausenhus, Scott L.
;             REGISTRATION NUMBER: 42,271
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 1154 amino acids
;             TYPE: amino acid
;             STRANDEDNESS: <Unknown>
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: protein
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  Protein
;             LOCATION:  1..1154
;             OTHER INFORMATION:  /note= "fusion protein composed of
;             protein sequence, vector sequences, the
;             Myc epitope and His6 tag"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:
US-09-402-181B-611

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1154;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCI
```

```
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
```

```
RESULT 15
US-09-721-456-611
; Sequence 611, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph Ted
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 1154 amino acids
;            TYPE: amino acid
;            STRANDEDNESS: <Unknown>
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  Protein
;            LOCATION:  1..1154
;            OTHER INFORMATION:  /note= "fusion protein composed of
;            protein sequence, vector sequences, the
```

```
 epitope and His6 tag"
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

           100.0%;  Score 5961;  DB 4;  Length 1154;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy         1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy         1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

Search completed: April 22, 2004, 00:17:52
Job time : 30 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

ein search, using sw model

pril 22, 2004, 00:13:41 ; Search time 355 Seconds
                          (without alignments)
                          881.605 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-2
961
 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

LOSUM62
apop 10.0 , Gapext 0.5

133595 seqs, 276475211 residues

its satisfying chosen parameters:       1133595

ngth: 0
ngth: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 Published_Applications_AA:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US07_PUBCOMB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/PCT_NEW_PUB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US06_NEW_PUB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US06_PUBCOMB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US07_NEW_PUB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/PCTUS_PUBCOMB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US08_NEW_PUB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US08_PUBCOMB.pep:*
:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US09A_PUBCOMB.pep:*
0:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US09B_PUBCOMB.pep:*
1:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US09C_PUBCOMB.pep:*
2:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US09_NEW_PUB.pep:*
3:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US10A_PUBCOMB.pep:*
4:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US10B_PUBCOMB.pep:*
5:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US10C_PUBCOMB.pep:*
6:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US10_NEW_PUB.pep:*
7:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US60_NEW_PUB.pep:*
8:  /cgn2_6/ptodata/2/pubpaa/US60_PUBCOMB.pep:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                    SUMMARIES
%
uery
atch Length DB  ID                         Description
-------------------------------------------------------------
00.0   1132  9  US-09-990-080-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  9  US-09-749-728B-31           Sequence 31, Appl
00.0   1132  9  US-09-843-676-225           Sequence 225, App
00.0   1132  9  US-09-953-052-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  12  US-10-325-810-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  12  US-10-388-578-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  14  US-10-053-758-225           Sequence 225, App
00.0   1132  14  US-10-208-243-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  14  US-10-054-295-225           Sequence 225, App
00.0   1132  14  US-10-054-611-225           Sequence 225, App
00.0   1132  14  US-10-105-963-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  14  US-10-044-692-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  14  US-10-044-539-2             Sequence 2, Appli
00.0   1132  14  US-10-295-681-57            Sequence 57, Appl
00.0   1154  12  US-10-325-810-611           Sequence 611, App
```

```
   16     5961  100.0   1154  14  US-10-044-692-323         Sequenc
   17     5961  100.0   1154  14  US-10-044-539-323         Sequenc
   18     5961  100.0   1189  12  US-10-325-810-613         Sequenc
   19     5961  100.0   1189  14  US-10-044-692-325         Sequenc
   20     5961  100.0   1189  14  US-10-044-539-325         Sequenc
   21     5961  100.0   1200  12  US-10-325-810-612         Sequenc
   22     5961  100.0   1200  14  US-10-044-692-324         Sequenc
   23     5961  100.0   1200  14  US-10-044-539-324         Sequenc
   24     5961  100.0   1285  12  US-10-325-810-600         Sequenc
   25     5961  100.0   1285  14  US-10-044-692-314         Sequenc
   26     5961  100.0   1285  14  US-10-044-539-314         Sequenc
   27     5954   99.9   1132  15  US-10-385-882-2           Sequenc
   28     5952   99.8   1132  12  US-10-325-810-344         Sequenc
   29     5952   99.8   1407  12  US-10-325-810-628         Sequenc
   30     5952   99.8   1407  14  US-10-044-692-334         Sequenc
   31     5952   99.8   1407  14  US-10-044-539-334         Sequenc
   32     4052   68.0    807  12  US-10-325-810-5           Sequenc
   33     4052   68.0    807  14  US-10-044-692-5           Sequenc
   34     4052   68.0    807  14  US-10-044-539-5           Sequenc
   35   3819.5   64.1   1003   9  US-09-843-676-217         Sequence
   36   3819.5   64.1   1003  10  US-09-438-486-217         Sequenc
   37   3819.5   64.1   1003  12  US-10-325-810-336         Sequenc
   38   3819.5   64.1   1003  14  US-10-053-758-217         Sequenc
   39   3819.5   64.1   1003  14  US-10-054-295-217         Sequenc
   40   3819.5   64.1   1003  14  US-10-054-611-217         Sequenc
   41     3628   60.9   1128  14  US-10-295-681-53          Sequenc
   42     3134   52.6    622  14  US-10-294-778-12          Sequenc
   43     2590   43.4    500  14  US-10-282-960-81          Sequenc
   44     2260   37.9   1131  14  US-10-295-681-52          Sequenc
   45     2184   36.6    438  14  US-10-294-778-10          Sequenc


                         ALIGNMENTS


RESULT 1
US-09-990-080-2
; Sequence 2, Application US/09990080
; Patent No. US20020102686A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Morin, Gregg B.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
;  FILE REFERENCE: 018/258c
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/990,080
;  CURRENT FILING DATE:  1998-08-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1132
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-990-080-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 9;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



plication US/09749728B
020142457A1
TION:
zawa, Akihiro
ta, Jun-Ichi
kuda, Keiichi
awa, Satoshi
```

```
;  APPLICANT:  Sakurada, Kazuhiro
;  APPLICANT:  Gojo, Satoshi
;  APPLICANT:  Yamada, Yoji
;  TITLE OF INVENTION: THE CELL HAVING THE POTENTIALITY OF DIFFERENT
;  FILE REFERENCE: 00766.000043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/749,728B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: H11-372826
;  PRIOR FILING DATE: 1999-12-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT-JP00-01148
;  PRIOR FILING DATE: 2000-02-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT-JP00-07741
;  PRIOR FILING DATE: 2000-11-02
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 80
;  SOFTWARE: PatentIn Ver.2.0
; SEQ ID NO 31
;   LENGTH: 1132
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-749-728B-31

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 9;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
```

```
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


pplication US/09843676
020164786A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin
   Andrews, William H.
 INVENTION: No. US20020164786A1el Telomerase
F SEQUENCES: 225
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
: 94111
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/843,676
ING DATE: 26-Apr-2001
SSIFICATION: 536
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
E: Apple,  Randolph T.
ISTRATION NUMBER: 36,429
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
UNICATION INFORMATION:
```

```
;          TELEPHONE: (415) 576-0200
;          TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;          LENGTH: 1132 amino acids
;          TYPE: amino acid
;          TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:
US-09-843-676-225

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 9;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



plication US/09953052
0020173476A1
RMATION:
NT: Cech, Thomas R.
    Lingner, Joachim
    Nakamura, Toru
    Chapman, Karen B.
    Morin, Gregg B.
    Harley, Calvin B.
    Andrews, William H.
F INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
             Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
OF SEQUENCES: 72
ONDENCE ADDRESS:
DRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
REET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
TY: San Francisco
ATE: California
UNTRY: USA
P: 94111-3834
R READABLE FORM:
DIUM TYPE: Floppy disk
MPUTER: IBM PC compatible
ERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
FTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/09/953,052
LING DATE: 14-Sep-2001
ASSIFICATION: <Unknown>
PPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: 09/052,919
LING DATE: <Unknown>
PLICATION NUMBER: US 08/844,419
LING DATE: 18-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/846,017
LING DATE: 25-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/851,843
LING DATE: 06-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/854,050
LING DATE: 09-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/911,312
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: US 08/912,951
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: US 08/915,503
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: US 08/974,549
LING DATE: 19-NOV-1997
PLICATION NUMBER: US 08/974,584
LING DATE: 19-NOV-1997
PLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
LING DATE: 01-OCT-1997
```

```
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Parent, Annette S.
;           REGISTRATION NUMBER: 42,058
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 1132 amino acids
;           TYPE: amino acid
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-09-953-052-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 9;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
```

```
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



lication US/10325810
 US20030204069A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin B.
   Andrews, William H.
 INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
F SEQUENCES: 633
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: USA
: 94111-3834
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/325,810
ING DATE: 20-Dec-2002
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/09/402,181
ING DATE: 29-Sep-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/911,312
ING DATE: 14-AUG-1997
LICATION NUMBER: US 08/912,951
ING DATE: 14-AUG-1997
```

```
;           APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Ausenhus, Scott L.
;           REGISTRATION NUMBER: 42,271
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 1132 amino acids
;           TYPE: amino acid
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-10-325-810-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 12;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
)RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

3LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
3LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

3FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
3FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


plication US/10388578
. US20030224411A1
ATION:
ron Corporation
tanton, Lawrence
alph, Brandenberger
oseph, Gold D.
ohn, Irving
andalam, Ramkumar
ok, Michael
helton, Dawne
NTION: Genes that are Up- or Down-Regulated During Differentiation of Hu
NTION:  Embryonic Stem Cells
E: 135/001
CATION NUMBER: US/10/388,578
G DATE:  2003-03-13
 ID NOS: 139
tom


mo sapiens


         100.0%;  Score 5961;  DB 12;  Length 1132;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
```

```
Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 7
US-10-053-758-225
; Sequence 225, Application US/10053758
; Publication No. US20030032075A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
```

```
   Andrews, William H.
 INVENTION: No. US20030032075A1el Telomerase
F SEQUENCES: 225
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
: 94111
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/053,758
ING DATE: 18-Jan-2002
SSIFICATION: 536
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
E: Apple,  Randolph T.
ISTRATION NUMBER: 36,429
ERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
UNICATION INFORMATION:
EPHONE: (415) 576-0200
EFAX: (415) 576-0300
OR SEQ ID NO: 225:
 CHARACTERISTICS:
GTH: 1132 amino acids
E: amino acid
OLOGY: linear
 TYPE: protein
 DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:


        100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
larity   100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
```

```
Qy          361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHC

Qy          421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLV
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLV

Qy          481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAE
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAE

Qy          541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHL

Qy          601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER

Qy          661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDV
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDV

Qy          721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYM
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYM

Qy          781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQ
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQ

Qy          841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPE
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPE

Qy          901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTS
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTS

Qy          961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFH

Qy         1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWL

Qy         1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 8
US-10-208-243-2
; Sequence 2, Application US/10208243
; Publication No. US20030044394A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Imm
;  TITLE OF INVENTION:  Response to a Telomerase Antigen
;  FILE REFERENCE: 015389-003500PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/208,243
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
;  PRIOR FILING DATE: 2000-09-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
```

```
entIn Ver. 2.0


mo sapiens


          100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 9
US-10-054-295-225
; Sequence 225, Application US/10054295
; Publication No. US20030044953A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20030044953A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/054,295
;            FILING DATE: 18-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 1132 amino acids
;            TYPE: amino acid
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:
US-10-054-295-225

  Query Match            100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;
```

```
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
```

```
Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
                   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

RESULT 10
US-10-054-611-225
; Sequence 225, Application US/10054611
; Publication No. US20030059787A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20030059787A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/054,611
;            FILING DATE: 18-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 1132 amino acids
;            TYPE: amino acid
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: protein
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:
US-10-054-611-225

  Query Match            100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGP
```

```
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132


plication US/10105963
. US20030068818A1
ATION:
```

```
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Denning, Chris
;  APPLICANT:  Clark, A. John
;  APPLICANT:  Schiff, J. Michael
;  TITLE OF INVENTION: Animal Tissue with Carbohydrate Antigens Com
;  TITLE OF INVENTION:  Transplantation and a Carbohydrate Determin
;  TITLE OF INVENTION:  Recombination
;  FILE REFERENCE: 731/002
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/105,963
;  CURRENT FILING DATE:  2002-03-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/277,811
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-21
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1132
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-105-963-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQ
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQ

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPE
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPE

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTR

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPS
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPS

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHC

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLV
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLV

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAE
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAE

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHL

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDV
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDV

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYM
```

```
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



lication US/10044692
 US20030096344A1
MATION:
T: Cech, Thomas R.
   Lingner, Joachim
   Nakamura, Toru
   Chapman, Karen B.
   Morin, Gregg B.
   Harley, Calvin
   Andrews, William H.
 INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
             THERAPEUTIC METHODS
F SEQUENCES: 335
NDENCE ADDRESS:
RESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
EET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
Y: San Francisco
TE: California
NTRY: United States of America
: 94111
 READABLE FORM:
IUM TYPE: Floppy disk
PUTER: IBM PC compatible
RATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
TWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
LICATION NUMBER: US/10/044,692
ING DATE: 11-Jan-2002
SSIFICATION: <Unknown>
PLICATION DATA:
LICATION NUMBER: 08/912,951
ING DATE: <Unknown>
LICATION NUMBER: US 08/854,050
ING DATE: 09-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/851,843
ING DATE: 06-MAY-1997
LICATION NUMBER: US 08/846,017
ING DATE: 25-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/844,419
ING DATE: 18-APR-1997
LICATION NUMBER: US 08/724,643
ING DATE: 01-OCT-1996
/AGENT INFORMATION:
```

```
;              NAME: Apple,  Randolph T.
;              REGISTRATION NUMBER: 36,429
;              REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;              TELEPHONE: (415) 576-0200
;              TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;              LENGTH: 1132 amino acids
;              TYPE: amino acid
;              TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: protein
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-10-044-692-2

  Query Match            100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



plication US/10044539
. US20030100093A1
RMATION:
NT: Cech, Thomas R.
    Lingner, Joachim
    Nakamura, Toru
    Chapman, Karen B.
    Morin, Gregg B.
    Harley, Calvin
    Andrews, William H.
F INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
             THERAPEUTIC METHODS
OF SEQUENCES: 335
ONDENCE ADDRESS:
DRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
REET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
TY: San Francisco
ATE: California
UNTRY: United States of America
P: 94111
R READABLE FORM:
DIUM TYPE: Floppy disk
MPUTER: IBM PC compatible
ERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
FTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/10/044,539
LING DATE: 11-Jan-2002
ASSIFICATION: 435
PPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: 08/912,951
LING DATE: <Unknown>
PLICATION NUMBER: US 08/854,050
LING DATE: 09-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/851,843
LING DATE: 06-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/846,017
LING DATE: 25-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/844,419
LING DATE: 18-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/724,643
LING DATE: 01-OCT-1996
Y/AGENT INFORMATION:
ME: Apple,  Randolph T.
GISTRATION NUMBER: 36,429
FERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
MUNICATION INFORMATION:
LEPHONE: (415) 576-0200
```

```
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 1132 amino acids
;             TYPE: amino acid
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: protein
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2:
US-10-044-539-2

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQC

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEA

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPF

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPL

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
```

```
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132



plication US/10295681
 US20030166270A1
TION:
Premkumar Reddy
shil G. Rane
chard V. Mettus
TION: COMPOSTIONS AND METHODS FOR REVERSIBLY
TION:  INDUCING CONTINUAL GROWTH IN NORMAL CELLS
: 6056-307
ATION NUMBER: US/10/295,681
 DATE:  2002-11-15
ION NUMBER: US 60/334,760
ATE: 2001-11-15
ID NOS: 69
SEQ for Windows Version 4.0


o sapiens


          100.0%;  Score 5961;  DB 14;  Length 1132;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
Conservative     0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
```

```
Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 15
US-10-325-810-611
; Sequence 611, Application US/10325810
; Publication No. US20030204069A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 633
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
```

```
ERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
FTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
 APPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/10/325,810
LING DATE: 20-Dec-2002
ASSIFICATION: <Unknown>
PPLICATION DATA:
PLICATION NUMBER: US/09/402,181
LING DATE: 29-Sep-1997
PLICATION NUMBER: US 08/724,643
LING DATE: 01-OCT-1996
PLICATION NUMBER: US 08/844,419
LING DATE: 18-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/846,017
LING DATE: 25-APR-1997
PLICATION NUMBER: US 08/851,843
LING DATE: 06-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/854,050
LING DATE: 09-MAY-1997
PLICATION NUMBER: US 08/911,312
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: US 08/912,951
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: US 08/915,503
LING DATE: 14-AUG-1997
PLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
LING DATE: 01-OCT-1997
Y/AGENT INFORMATION:
ME: Ausenhus, Scott L.
GISTRATION NUMBER: 42,271
FERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
MUNICATION INFORMATION:
LEPHONE: (415) 576-0200
LEFAX: (415) 576-0300
FOR SEQ ID NO: 611:
E CHARACTERISTICS:
NGTH: 1154 amino acids
PE: amino acid
RANDEDNESS: <Unknown>
POLOGY: linear
E TYPE: protein
:
ME/KEY:  Protein
CATION:  1..1154
HER INFORMATION:  /note= "fusion protein composed of hTRT
otein sequence, vector sequences, the
c epitope and His6 tag"
E DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:
L

          100.0%;  Score 5961;  DB 12;  Length 1154;
ilarity   100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative     0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
```

```
Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLK

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERL

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1

Search completed: April 22, 2004, 00:23:55
Job time : 359 secs
```

```
                GenCore version 5.1.6
      Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

tein search, using sw model

April 21, 2004, 23:46:16 ; Search time 30 Seconds
                           (without alignments)
                           3629.627 Million cell updates/sec

US-09-424-686F-2
5961
1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

283366 seqs, 96191526 residues

hits satisfying chosen parameters:      283366

ength: 0
ength: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 PIR_78:*
1:  pir1:*
2:  pir2:*
3:  pir3:*
4:  pir4:*

is the number of results predicted by chance to have a
ter than or equal to the score of the result being printed,
ived by analysis of the total score distribution.

                         SUMMARIES
 %
Query
Match Length DB  ID                       Description
-------------------------------------------------------------
100.0   1132  2  T03844                   telomerase catalyt
 12.2   1123  2  T51517                   telomerase reverse
 10.0    989  2  T03838                   telomerase catalyt
  6.6   1132  2  T31107                   telomerase reverse
  6.1   1117  2  T14891                   telomerase (EC 2.7
  6.0    884  2  S53396                   telomerase catalyt
  3.0   3530  2  A59266                   unconventional myo
  2.9    660  1  QQBE3                    BHLF1 protein - hu
  2.4   3511  2  A59295                   unconventional myo
  2.4   1560  2  T00080                   hypothetical prote
  2.4   1892  2  T18314                   hypothetical prote
  2.3   1460  1  EDBEIF                   immediate-early pr
  2.3    552  2  F75311                   ABC transporter, A
  2.3    924  2  S27923                   gene LF3 protein -
  2.3   1356  1  C45219                   N-methyl-D-asparta
  2.3    946  2  JC7810                   inositol 1,4,5-tri
  2.2    606  2  G75302                   orotidine 5'-phosp
  2.2   1106  2  JQ0405                   hypothetical 119.5
  2.2    860  2  S55543                   RNA-directed DNA p
  2.2   1184  2  G01763                   atrophin-1 - human
  2.2   1446  1  A45344                   immediate-early pr
  2.2   1184  2  S50832                   atrophin-1 - human
  2.2   2715  2  T13049                   eyelid - fruit fly
  2.2    383  2  S32975                   gene BCRF2 protein
  2.2    403  2  S52796                   prpL2 protein - hu
  2.2   1776  2  G86280                   protein T5E21.13 [
  2.2    628  2  S01955                   hypothetical prote
  2.1    376  2  C75580                   adenine deaminase-
  2.1   1048  2  T31425                   C-terminal domain-
```

```
    30      127     2.1     260   2   S22373                     proline-
    31      127     2.1     505   2   S72273                     actin-de
    32      127     2.1     580   2   T43481                     probable
    33      127     2.1     847   1   A53800                     mixed-li
    34      127     2.1     862   2   T46289                     hypothet
    35      127     2.1    1039   2   T35878                     hypothet
    36    126.5     2.1     603   2   H75272                     probable
    37      126     2.1     330   2   E98119                     transpos
    38      126     2.1    1067   2   T18196                     pol prot
    39    125.5     2.1     574   2   T43556                     Wiskott-
    40    125.5     2.1     574   2   T38819                     wiskott-
    41      125     2.1     522   2   S52216                     viral pr
    42      125     2.1    1914   2   T42635                     tenascin
    43      124     2.1    1298   1   EDBE75                     immediat
    44      124     2.1    1323   2   S27224                     N-methyl
    45    123.5     2.1     381   2   S16506                     hypothet

                          ALIGNMENTS

RESULT 1
T03844
telomerase catalytic chain - human
N;Alternate names: telomerase reverse transcriptase
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 23-Apr-1999 #sequence_revision 23-Apr-1999 #text_change 08-
C;Accession: T03844
R;Nakamura, T.M.; Morin, G.B.; Chapman, K.B.; Weinrich, S.L.; Andre
Science 277, 955-959, 1997
A;Title: Telomerase catalytic subunit homologs from fission yeast a
A;Reference number: Z15111; MUID:97400623; PMID:9252327
A;Accession: T03844
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-1132 <NAK>
A;Cross-references: EMBL:AF015950; NID:g2330016; PIDN:AAC51672.1; P
A;Experimental source: kidney
C;Genetics:
A;Gene: TRT
A;Map position: 5p

  Query Match             100.0%;  Score 5961;  DB 2;  Length 1132;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1132;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQ
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQ

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPE
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPE

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGP

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSL

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP
```

```
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
```

```
se transcriptase - Arabidopsis thaliana
s: protein F5E19_190
dopsis thaliana (mouse-ear cress)
000 #sequence_revision 18-Aug-2000 #text_change 18-Aug-2000
517
mura, Y.; Kaneko, T.; Kato, T.; Asamizu, E.; Kotani, H.; Tabata, S.; Mew
 Protein Sequence Database, August 2000
er: Z25394
517
inary
 DNA
23 <SAT>
es: EMBL:AL391147
ource: cultivar Columbia; BAC clone F5E19

5
; 125/3; 147/3; 185/1; 300/3; 325/1; 369/2; 414/3; 765/3; 942/2; 1033/2
0

           12.2%;  Score 724.5;  DB 2;  Length 1123;
ilarity    23.8%;  Pred. No. 1e-41;
```

```
  Matches  294;  Conservative  199;  Mismatches  511;  Indels  233;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFV------RRLGPQGWR----------
              ||| || |    | |        |   :      | : |:  |
Db          1 MPRKPRHRVPEILWRLFGNRARNLNDAIVDLIPNRNIQPEQCRCRGQGCLGCS

Qy         39 VQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRL---
              ::  ||  :| |: :| | |  :  ||    |       :|:| |::: :   |
Db         61 LRSDDPIHYRKLLHRCFV-VLHEQTPPLLDFSPTSWWSQREIVERIIEMMQSG

Qy         96 VLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVI
              |:   :   | :                 : : : |  | :|  ||:||| ||:
Db        118 VICARYDKYDQS-----------------SPILELLT-SSSWEFLLKRVGHDV

Qy        156 CALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAAT------QARPPPHASGPRRRLGCERA
               ::|: :      || ||||      |      : :   :   | :|     |
Db        160 TSIFLPLLGKKHQQVSGPPLCIKHKRTLSVHENKRKRDDNVQPPTKRQWLSSA

Qy        210 AGVPLGLPAPG----ARRRGGSASRSLPLPKRPRRGA--------APEPERTP
                  :  |  |      |   :  ||    || |:             |  ||
Db        220 DSATI-TPIVGEDVDQHREKKTTKRSRIYLKRRRKQRKVNFKKVDCNAPCITP-

Qy        258 HPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPST
                  | |    |           :  :|   ::|:        :|
Db        272 ---STNGKVSTG----------NDEMNLHIGINGSLTDFVKQAKQ---------

Qy        318 DTPCPPVYAETKHFLYS-SGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSR
                         |:| :  |     : |: :| :|||: : :: |:  ||
Db        304 -------VKRNKNFKFGLSETYSVIPPNHILKTLRPNCSDSKLLMNHIFGEVN

Qy        377 RRLPRLPQ----RYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP--------LRA
                    |      |  :      |:|        :||  |||        |::
Db        357 HGKGNCPSGSICLYHSLLKSLKNLIGKTKSSHLKMLLDKHCPVLLLQEDALKS

Qy        425 VCAREK----PQGSVAA----PEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLR
                 |:|    | || ::    |:    : |:|      : :  ||  |: |  |
Db        417 --RRQKADKLPHGSSSSQTGKPKCPSVEERKL------YCTNDQVVSFIWAICR

Qy        477 LWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCV
              | |: |  |   :|   |:|  :: | :: :   |:   |  :  |     |
Db        469 LLGTTHQMRVLRKNIAWFVSRRRNEKCTVNQFLHKVKPSDFPFFARKE--LCC

Qy        537 REE--------ILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWS
              : |        :  |:: ||    | :|:   || ||:   :  :::|||  |
Db        527 QSESIRSTQQMLCTKWISWLFLEIVKKLVHFNFYATESQGGRLNIYYYRKRSWE

Qy        589 IRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGA
              | : |    | : :|||  : :        |: ||:|| :|:| :::
Db        587 ISKALDGYVLVDDAEAESSRKK-------LSKFRFLPKANGVRMVLD-------

Qy        649 KRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDP
               |:: |    :   :||   : : | :||:||   || :|    ::: :|:|
Db        631 SRSQSL----RDTHAVLKDIQLKEPDVLGSSVFDHDDFYRNLCPYLIHLRSQSG

Qy        708 FVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGH------V
              ||  ||  |:|:: | :|  || | :| :  | : |  :|      :      |
Db        687 FVVADVFKAFDSVDQGKLLHVIQSFLKDE--YILNRCRLVCCGKRSNWVNKILV

Qy        762 HVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCH
              : |  |   ||       ||       ::|:::  :       |       : :
Db        745 NFSRFTSTVPYNA-----LQ-------SIVVDKGENHRVRKKDLMVWIGNMLKN

Qy        822 GKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGI--------------RRDG
                 |||  |||||  ||:|||   || :|  |                  | :
Db        793 KSFYVQIAGIPQGHRLSSLLCCFYYGHLERTLIYPFLEEASKDVSSKECSREEE

Qy        863 --LLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDE--
                ||| :||:| |:     | :|   |  |  :| | :|  |  :||  ::|
Db        853 YKLLRFIDDYLFVSTSRDQASSFYHRLKHGFKDYNCFMNETKFCINFEDKEEHR

Qy        913 --ALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGF
                   |  ||:        | |||:::|| ||| ||: |    | :: :
Db        913 FVGDNGVPFVR--------WTGLLINSRTFEVQVDYTRYLSGHISSTFSVAWQN
```

```
LFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWK-NP 1029
 |   |  |||  :  |  :|| : |  |||:| || | :||  | ::    : || :|
LCYFLVPKCHPILFDSNINSGEIVRLNIYQIFLLAAMKFHCYVYEV---SRFWKLHP 1021

LRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAK-GAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVT 1088
 : |: :    : ::  :   :: |:          |  | | ||   |::  | :
FKFITISVRYMFRLINRRVRRINTGSSFRPVLKLYKEEVIWLGLDAYIQVLKKKNSR 1081

LLGSLRTAQTQ--LSRKLPGTTLTALEAAANPAL 1123
 ||  |::| ::  ||::|        | : : :|
LLIYLKSALSKHSLSQQLSSELRYATDRSNSSSL 1118



tic chain - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe)
: telomerase reverse transcriptase 1
saccharomyces pombe
99 #sequence_revision 23-Apr-1999 #text_change 01-Dec-2000
38; T03839; T40085
 Morin, G.B.; Chapman, K.B.; Weinrich, S.L.; Andrews, W.H.; Lingner, J.
959, 1997
se catalytic subunit homologs from fission yeast and human.
r: Z15111; MUID:97400623; PMID:9252327
38
nary; translated from GB/EMBL/DDBJ
DNA
 <NAK>
s: EMBL:AF015783; NID:g2340167; PIDN:AAC49803.1; PID:g2340169
urce: strain 972h(-)
39
nary; translated from GB/EMBL/DDBJ
DNA
,526-989 <NA2>
s: EMBL:AF015783; NID:g2340167; PIDN:AAC49802.1; PID:g2340168
dream, M.A.; Barrell, B.G.; Volckaert, G.
EMBL Data Library, March 1998
r: Z21904
85
nary; translated from GB/EMBL/DDBJ
DNA
,526-989 <LYN>
s: EMBL:AL022299; PIDN:CAA18391.1; GSPDB:GN00067; SPDB:SPBC29A3.14c
urce: strain 972h-; cosmid c29A3

C29A3.14c

113/3; 153/2; 241/1; 372/1; 395/3; 485/3; 524/3; 582/2; 644/1; 693/3; 7
native splicing

        10.0%;  Score 594.5;  DB 2;  Length 989;
larity   22.3%;  Pred. No. 8.2e-33;
Conservative  202;  Mismatches  380;  Indels  247;  Gaps   42;

RAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL--------- 55
| :|  | : |  :  |  :|        :|| || ||:  : : : |
RILR-FLENQYVVYLCTLNDYV--------QLVLRGSPASSYSNICERLRSDVQTSFS 57

--VCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLK-ELVARVLQRLCERG---AKNVLAFGFAL-LD 105
    | :|::|        |    | : ||:| |:::: :      :|:|  ||::  :
HSTVVGFDSKPDEGV-QFSSPKCSQSELIANVVKQMFDESFERRRNLLMKGFSMNHE 116

GGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPS 165
          : |  || :    |  |  | |||  :| | : :||:: ::|  :
AMHVNGVQNDLVSTFPNYLISILE-SKNWQLLLEIIGSDAMHYLLSKGSIFEALPND 175

QVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRG 225
|: | ||::                              ::| | |        :::|
QISGIPLFK---------------------------NNVFEETV--------SKKRK 200

SRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSL 285
  |:   | |:                : ||
```

```
Db      201 RTIETSITQNKSARK------------EVSW---------------------

Qy      286 EGALSGTRHS--HPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHF-LYSSG
               ::| :| |  : |  ::                     : :  :| |:|
Db      220 -NSISISRFSIFYRSSYKK----------------------FKQDLYFNLHSIC

Qy      343 PSFLLSSLRPSLTG------ARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRL----PRLPQRY
                 |  : |   |       ::| : | | |:  :   |:||    | : |
Db      257 --MWLQWIFPRQFGLINAFQVKQLHKVIPLVSQSTV--VPKRLLKVYPLIEQTA

Qy      393 FLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPR
             |  : ||  |||   : ||                             ::|
Db      313 SLSKVYNH-YCPY---IDTH--------------------------DDE-----

Qy      453 RQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQ
                 | ||: |:|: | |: |  :||::        |:: : |: | ::   ||
Db      335 SYSLKPNQVFAFLRSILVRVFPKLIWGNQRIFEIILKDLETFLKLSRYESFSLH

Qy      513 SVRDCAWL---RRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYV
             : :  ||   :||     |:  ::    |::| |:|::|| : ::: :|:||||:
Db      395 KISEIEWLVLGKRSNAKMCL--SDFEKRKQIFAEFIYWLYNSFIIPILQSFFYI

Qy      570 KNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRF
            :||  ::|| :| ||              :|      :::|  ||    : :  |  : :|
Db      453 RNRTVYFRKDIW-KLLCRPFITSMKMEAFEKINENNVRMDTQ-KTTLPPAVIRL

Qy      630 LRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRP------GLLG
             | | |:          |:    ::: |  | | |      :  ||        |:
Db      511 FRLITNL---------RKRFLIKQMGSNKKMLVST---NQTLRPVASILKHLIN

Qy      684 D---DIHRAWRTF---VLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIAS
                :::      ||   :|: |        : |||::|:   || | || :  ::
Db      559 PFNLEVYMKLLTFKKDLLKHRMFG--RKKYFVRIDIKSCYDRIKQDLMFRIVKK

Qy      738 TYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVV
             : :|:|| :  |         | | |     :  |: |: :        :||   | : :
Db      617 -FVIRKYATIH-ATSDRATKNFVSEAFSYFDMVPFEKVVQLLSMKTS---DTLF

Qy      798 LNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMEN
               ::|| :| :    :   | |:|    |:|  ||||||||: ||       |: ::
Db      672 WTKSSSEIFKMLKEHLSGHIVKIGNSQYLQKVGIPQGSILSSFLCHFYMEDLID

Qy      858 RRDG-LLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVE
            :: | :|||:||||| :| :    || ||    :||   ::     :| |||:||    :
Db      732 KKKGSVLLRVVDDFLFITVNKKDAKKFLNLSLRGFEKHNFSTSLEKTVINFENS

Qy      917 TAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEV-----QSDYSSYARTSIRASLTFNRGFK
            | | :         |: |   :: |:|:        : |  : :  ||:  :     : |
Db      792 TFFNESKKR--MPFFGFSVNMRSLDTLLACPKIDEALFNSTSVELTKHMGKSF-

Qy      972 RKLFGVLRLKCHS---LFLDLQVNSLQTVCTNIYKI-----LLLQAY 1010
              : :||     |    :|:|:  ||      | |||::      :  |||
Db      843 --FYKILRSSLASFAQVFIDITHNSKFNSCCNIYRLGYSMCMRAQAY 887

RESULT 4
T31107
telomerase reverse transciptase - Oxytricha trifallax
C;Species: Oxytricha trifallax
C;Date: 02-Sep-2000 #sequence_revision 02-Sep-2000 #text_change 02-Se
C;Accession: T31107
R;Bryan, T.M.; Sperger, J.M.; Chapman, K.B.; Cech, T.R.
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 95, 8479-8484, 1998
A;Title: Telomerase reverse transcriptase genes in Tetrahymena thermo
A;Reference number: Z20985; MUID:98337940; PMID:9671703
A;Accession: T31107
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1132 <BRY>
A;Cross-references: EMBL:AF060230; NID:g3342795; PID:g3342796; PIDN:A
C;Genetics:
A;Gene: TERT
```

```
              6.6%;  Score 395;  DB 2;  Length 1132;
ilarity   22.2%;  Pred. No. 5.9e-19;
 Conservative  114;  Mismatches  305;  Indels   58;  Gaps   15;

LRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELT 509
        |:  |:   :  : |      : |:: | :   :|:   :    :   |
FEYQQDQRQISNFLTEFVANVFPKNFLEGK-NKKIFNKKMLQFVKFNRFESFTKISLL 509

MSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH---RLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTET 566
  | : :||       |    :       | :  | | |:     : |:| :|| ||
FRVNEVSWL----SFKCKDENKKFFMNENEHVFFKVLKWVFEDLAITLMRCYFYSTEK 565

QKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPK 626
:  |:|:|||::|: :  : |   ||:  |::: : |:|   |::      :|| |||
EYQRIFYYRKNIWNMIMRLSIDDLLKQ-NLKQVEKKEMRIFCESQ-NFAPGKLRLIPK 623

GLRPIVNMDYVVGARTFRRE------KRAERLTSRVK---ALFSVLNYERARRPGLLG 677
  |||:         || |:      |   |:|:  |   |   : | :        |
TFRPIM---------TFNRKIPNQVGKFQSRMTTNNKLQTAHMMLKNLKSKMFKHSFG 674

VLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIAS------ 731
|   ||| : :  || : : |   |:|||| :|:   || :  :|:   :
VFNYDDIMKRYENFVQKWK-QINSPKLYFVAMDIEKCYDNVDCERVVNFLQKSDLMDK 733

------IIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQET 783
      ::| :|   | |    :     : |  |:  :       | : : :
FILNTFVLKRKNNIIVERSNFRKLPIKQYFRYKFQK-IGIDGSSYPTLFEILEDEFND 792

LRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCS 843
::  :::||        : |    |:   :: |    | | | :|||||  :| :| |
MKRTIIVEQEQRKKFPKNDLLQPVLKICQNNYVTFNKKQYKQMKGIPQGLCVSYILSS 852

YGDMENKLFAGIRRD---------GLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY 894
| ::|      :|::          ||:|| ||:||:|    :|  |:  | :
YANLEENALQFLRKESMDPEKPEINLLMRLTDDYLLMTTEKNNAMLFIEKLYQLSLGN 912

VVNLRKTVVNFPVEDEALGGTAFVQ---MPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYAR 951
  :::|   || :  : :| |   |        || | |: :| :|| :  :  :  :
KFHMKKLKTNFALNLQKIGCTNTTQDIDSINDDLFHWIGISIDIKTLNIIQNI-NIKK 971

RASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYR 1011
  :|  |          :|      :   | :    :|: |     : |: :  | :
LCTLNVNMQTNESILWLKKKLKSFLMNNISFYFKSTINTKQFANITLSKLYIAAAEK 1031

CVLQLP-FHQ 1023
|  :   ||:
CCQEFKRFHE 1044


7.7.-) catalytic chain p133 - Tetrahymena thermophila
: telomerase reverse transcriptase
ymena thermophila
99 #sequence_revision 20-Sep-1999 #text_change 11-May-2000
91
ndhi, L.
 Sci. U.S.A. 95, 8485-8490, 1998
rse transcriptase component of the Tetrahymena telomerase ribonucleopro
r: Z18252; MUID:98337941; PMID:9671704
91
nary; translated from GB/EMBL/DDBJ
 mRNA
7 <COL>
s: EMBL:AF061284; NID:g3335166; PID:g3335167; PIDN:AAC39140.1


GC5
otidyltransferase

              6.1%;  Score 363;  DB 2;  Length 1117;
larity   20.2%;  Pred. No. 9.3e-17;
Conservative  160;  Mismatches  368;  Indels  234;  Gaps   35;
```

```
Qy        322 PPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGT
              | |: ::  | ||     :::  |    ::  | | :      |: |    |
Db        239 PGVF-KSSFFNYS-----EIKKGFQFKVIQEKLQGRQ------FINSDKIKPDH

Qy        382 --LPQRY-------WQMRPLFLE----LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPA
                | : |        : | ||||    :: |     :  |||  | |
Db        287 KTLLKEYQSKNFSCQEERDLFLEFTEKIVQNFHNINFNYLLKKFCKL-------

Qy        429 EKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHS-------------------SPWQVYG
                       ||   :   :: |:::  :                   |  |:
Db        334 ---------PENYQSLKSQVKQIVQSENKANQQSCENLFNSLYDTEISYKQITN

Qy        470 RRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRS
              :  ||  | | : | : ||    :|: : :     : :    | | |  |
Db        385 QNCVPNQLLGKK-NFKVFLEKLYEFVQMKRFENQKVLDYICFMDVFDVEWF---

Qy        530 PAAEHRL---------REEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLF
                   :          : :||   : ::::  |: :||  ||:||   : :::|
Db        436 DLKNQKFTQKRKYISDKRKILGDLIVFIINKIVIPVLRYNFYITEKHKEGSQIF

Qy        581 W---SKLQSIGI-RQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGL
              |   |||  : :  ::|::|: : : |   ::: :        :|| |||
Db        496 WKLVSKLTIVKLEEENLEKVEEKLIPEDSFQKYPQ-------GKLRIIPKKGSF

Qy        637 DYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFS----VLNYERARRPGLLGASVLGLDDI
                     || |: : : :   :  :      |    :      :| ||     |
Db        547 -------TFLRKDKQKNIKLNLNQILMDSQLVFRNLKDMLGQKIGYSVFDNKQI

Qy        693 FVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAV
              |: : : :   |:||:| :|:   ||:| | :|          |:|| : :| :
Db        600 FIEKWKNKG-RPQLYYVTLDIKKCYDSIDQMKLLNFFNQSDLIQDTYFINKYLL

Qy        753 GHVRKAFKSHVSTLTDLQ----------------PYM-----RQFVAHLQE---
                ::    :::::  :::                ||      ||    | :
Db        659 PLLQIQQTNNLNSAMEIEEEKINKKPFKMDNINFPYYFNLKERQIAYSLYDDDD

Qy        783 ----TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIP
                   |  |  :|| |          : :       :: :      : | :|||
Db        719 FKEIQSDDRPFIVINQDKPRCITKDIIHNHLKHISQYNVISFNKVKFRQKRGIP

Qy        839 TLLCSLCYGDMENKLFAGIRRD-------GLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLR
               :|||  :| :| :    ::          ||:|| ||:| ::    :|   :
Db        779 GVLCSFYFGKLEEEYTQFLKNAEQVNGSINLLMRLTDDYLFISDSQQNALNLIV

Qy        892 PEYGCVVNLRKTVVN--FPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQ
                 | : | :|   |  || ||  |      ::       | |  :|  |||::
Db        839 NNNGFMFNDQKITTNFQFPQEDYNL---EHFKISVQNECQWIGKSIDMNTLEIK

Qy        950 ARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDL-------QVNSLQT
               :|    : | |      :|:: :|   ||    ||||:         :|| : :
Db        893 KQTQQEINQTINVAISI-KNLKSQLKNKLR----SLFLNQLIDYFNPNINSFEGI

Qy       1003 ---KILLLQAYRFHACVLQL------PFHQQVWK---NPTFFLRVISDTAS---
                 |  ::: | |   : |:       :  |  |   |  |   ::  |
Db        948 HHSKATVMKFYPFMTKLFQIDLKKSKQYSVQYGKENTNENFLKDILYYTVEDVC

Qy       1045 ---------------------------SILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQ
                                         | || |        ||    |
Db       1008 QFEDEINSNIKEIFKNLYSWIMWDIIVSYLKKKKQ-----FKGYLNKL------

Qy       1078 FLLKLTRHRVTYVPL-LGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTIL
               | |: : |  |:     ||:   :|   :|    | |:|      |  | ||::
Db       1051 -LQKIRKSRFFYLKEGCKSLQLILSQQKYQLNKKELEAIEFIDLNNLIQDIKTLI

RESULT 6
S53396
telomerase catalytic chain EST2 - yeast (Saccharomyces cerevisiae)
N;Alternate names: protein L8543.12; protein YLR318w
C;Species: Saccharomyces cerevisiae
C;Date: 05-May-1995 #sequence_revision 01-Sep-1995 #text_change 05-No
C;Accession: S53396
```

```
 EMBL Data Library, February 1995
he sequence of S. cerevisiae cosmid 8543.
er: S53390
396
 DNA
4 <DUZ>
es: EMBL:U20618; NID:g2258165; PID:g662136; GSPDB:GN00012; MIPS:YLR318w
ource: strain S288C (AB972)

; MIPS:YLR318w
es: SGD:S0004310; MIPS:YLR318w
12R

          6.0%;  Score 356.5;  DB 2;  Length 884;
ilarity   22.1%;  Pred. No. 1.9e-16;
 Conservative  127;  Mismatches  309;  Indels  151;  Gaps   28;

FLYSSGDKEQLRPS--FLLSSLRPSLTGARRLV---ETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLP 383
||:    |  :  |  |  | : || :  ::|    | ||          |  | ::|
FLH----KLNINSSSFFPYSKILPSSSSIKKLTDLREAIF----------PTNLVKIP 230

WQMRPLFLE-LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEED 442
      | |: ||  | :  |  :| : ||      |  |
KVRINLTLQKLLKRHKRLNYVSILNSICP------PLEGTVL--------------- 269

PRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAK 502
   |  | || |   :|  |:   |::|:|  ::||: |: : ::|    :||  :
--DLSHLSRQ-SPKERVLKFIIVILQKLLPQEMFGSKKNKGKIIKNLNLLLSLPLNGY 324

QELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLR--EEILAKFLHWLMSVYVVELLRSF 560
   |  |: ::|  ||     :  :   :|      ::   |: ||    : :::::|
DSLLKKLRLKDFRWL----FISDIWFTKHNFENLNQLAICFISWLFRQLIPKIIQTF 380

TETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEV-RQHREARPALLT- 618
|| :     : ::|   |:|| :  | :: |      | |  | | |     :
TEIS-STVTIVYFRHDTWNKLITPFIVEYFKTY----LVENNVCRNHNSYTLSNFNH 435

RFIPKPDGLRPIVNMDYVV------GARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARR 672
| |||        |  :: :      ||         |   : ::    :| | | :|
RIIPKKS------NNEFRIIAIPCRGADEEEFTIYKENHKNAIQPTQKILEYLRNKR 489

LGASVLGLDDIHRAWRTFVLRV--RAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIA 730
    :     |    : |  |:  :  :  |||||:| ||   ||:||:     ::
F-TKIYSPTQIADRIKEFKQRLLKKFNNVLPELYFMKFDVKSCYDSIPRMECMRILK 548

KPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAV 790
| :| : ||         :  | | | : |:     :||                 :
KNENGFFVRSQYFFN--TNTGVLKLF-NVVNASRVPKPY----------------EL 589

QSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDM- 849
   ::: ::  : :|    :   |: :  | |::  |: ||| ||  :  | | |:
NVRTVHLSNQDVINVVEMEIFKTALWVEDKCYIREDGLFQGSSLSAPIVDLVYDDLL 649

NKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTV-VN 906
::  |   :| |:|:| ||||:::          :  : |  :|    |  | : |:
SEFKASPSQDTLILKLADDFLIISTDQQQVINIKKLAMGGFQKYNAKANRDKILAVS 709

EDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKA 966
:|:              :  :| : :  : |||    |:     ||:        |:
DDDT-------------VIQFCAMHIFVKELEVWKHSSTMNNFHIRS--------KS 748

MRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNI----------YK-------ILLLQA 1009
: | |  :   :     :|  :||  ||   |          ||       | : |
IFRSLIALFNTRISYKTIDTNLNSTNTVLMQIDHVVKNISECYKSAFKDLSINVTQN 808

HACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLC 1043
|                :|  |:|  | | |
H----------------SFLQRIIEMTVSGC 826
```

```
unconventional myosin-15 - human
C;Species: Homo sapiens (man)
C;Date: 02-Jun-2000 #sequence_revision 02-Jun-2000 #text_change 08-S
C;Accession: A59266
R;Liang, Y.; Wang, A.; Belyantseva, I.A.; Anderson, D.W.; Probst, F.
an, T.B.; Fridell, R.A.
Genomics 61, 243-258, 1999
A;Title: Characterization of the human and mouse unconventional myos
A;Reference number: A59266; MUID:20021762; PMID:10552926
A;Accession: A59266
A;Status: preliminary; not compared with conceptual translation
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3530 <LIA>
A;Cross-references: GB:AF144094; NID:g6224682; PIDN:AAF05903.1; PID:
C;Superfamily: myosin motor domain homology
F;1225-1887/Domain: myosin motor domain homology <MMO>

  Query Match             3.0%;  Score 176.5;  DB 2;  Length 3530;
  Best Local Similarity   20.6%;  Pred. No. 0.0034;
  Matches  263;  Conservative  144;  Mismatches  392;  Indels  475;

Qy      107 ARGGPPEAFTTS-------------VRSYLP-----------------NTVTDALR
            :||||   |  |             : ::|                |  |:| |
Db     2313 SRGGPKVVFGNSWDSDEDMSTRPQPQEHMPKVLDSDGYSSHNQDGTNGETEAQR

Qy      139 LLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAP-------------SCAYQVCGPPLYQLG
                 :|:  : |    | |  |  |             : ||:: |      |
Db     2372 QESDSLGEPAVPHKGLDCYLDSLFDPVLSYGDADLEKPTAIAYRMKGGGQPGGG

Qy      182 -TQARPP---PHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGV---PLGLPAPGARRRGGSA
             |  |||   |        |  ::|: |  ::| :    : | |   :::  ||
Db     2432 DTPRRPPEPKPIPGLDASTLALQQAFIH--KQAVLLARGMTLQATALQQQPLSA

Qy      234 LPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEG
              | |    ||| : | || |  | |   |           |  ||
Db     2490 AEKPP----APEAQPTSVGTGPPAKPVLLR-------ATPKPLAPA--------

Qy      294 HSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYA------ETKHFLYSSGDKEQL
                          |    |  |      || |      ||     :|   | :
Db     2525 --------------PLAKAPRLPIKPVAAPVLAQDQASPET-----TSPSPELV

Qy      348 SSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRP-------LFL
            |   |  |  :::   :    :|:  | |  | :   : :  ||       : |
Db     2566 SEHFPQPT--QQIKNIVRQYQQPFRGGRPEALRKDGGKVFMKRPDPHEEALMIL

Qy      401 AQCPYG--------VLLK--THCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEE-EDT
                 |         |:|  |  | | :: | : :     |  |:  |||   |
Db     2624 LAAAPGTQVSREAVALVKPVTSAP-RPSMAPTSAL-----PSRSLEPPEELTQT

Qy      450 --QLLRQHSSPWQVYGFVR------------------------------ACLR--
                     :||::  |:|                              ||||
Db     2678 NPNFYGYQDAPWKI--FLRKEVFYPKDSYSHPVQLDLLFRQILHDTLSEACLRI

Qy      473 VPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLG-KHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPG
                |:         |   |  ::   | | :|    ||::      : |  |
Db     2736 RMKALFAQNQ-----LDTQKPLVTESVKRAVVSTARDTWEV-----YFSRIFPA

Qy      532 AEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLR------------------SFFYVTETT
                   ::||      :|   ::|||                  ||  :   |
Db     2786 G-----VQLLA------VSHVGIKLLRMVKGGQEAGGQLRVLRAYSFADILFVT

Qy      573 LFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPK
            | |   |   |:     | |    |:: | :  : : ::
Db     2835 LEFNLAS--EKVILFSARAH----QVKTLVDDFILELKK---------------

Qy      633 IVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERA-------RRPGLLGAS-
              : ||||  | |  |  |            :| : :          |  :| |
Db     2868 --DSDYVVAVRNFLPEDPA------------LLAFHKGDIIHLQPLEPPRVGYSA

Qy      680 --VLGLDDIHR-----AWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYD-----TIP-
              |: |::: |      ||   :  |    | ||    |    |  |     | |
Db     2914 RKVVYLEELRRRGPDFGWRFGTIHGRVGRFPSEL----VQPAAAPDFLQLPTEPG
```

```
IASIIKPQNTYCVRRY-----AVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQ 781
 |::        | |         : | ||    |   : : |   | | |     |
AAAVASAAAAQEVGRRREGPPVRARSADHGEDALALPPY-TMLEFAQKYFRDPQRRPQ 3028

---------------------TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVR 819
                      :||:::::    |||::  :: :|   :|||   ::
LRLKSKEPRESRTLEDMLCFTKTPLQESLIELSDSSLSKMATDMFLAVMRFMGDAPLK 3088

GKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGD---MENKLFAGI---------------RRDG 861
    | |            |  || ||   | :: :  :              :|
SDLDVLCN-----------LLKLC-GDHEVMRDECYCQVVKQITDNTSSKQDSCQRGW 3136

LRLVDDF----LLVTPHLTHAKTFLRTLVR--GVPEYG----CVVNLRKTVVNFPVED 911
| :|  :     :: ||||    ||: : |  |:|  |    |  ||:||:
LYIVTAYHSCSEVLHPHLTR---FLQDVSRTPGLPFQGIAKACEQNLQKTL------- 3186

LGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMR 971
 ||                       ||: |        :|| |       |||: :
FGG----------------------RLELPSS------IELRAML-------AGRSSK 3210

LF----GV---LRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCT----------NIYKILLLQAYRFHA 1014
||    |:   |::|  ::  ||:    :: :|           | | | ::     |
LFLLPGGLERHLKIKTCTVALDV----VEEICAEMALTRPEAFNEYVIFVVTNRGQHV 3266

L--------------------QLPFHQQVWKNPTFF----------LRVISDTASLCY 1044
|                     | | : :|  |  |           :|: |     :
LSRRAYILDVASEMEQVDGGYMLWFRRVLWDQPLKFENELYVTMHYNQVLPDYLKGLF 3326

LKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVT---YVPLLGSLRTAQ- 1100
: |                |||    |  |   |   :||     |:|   |:|  |
VPASR--------------PSEQ---LLQQVSKLASLQHRAKDHFYLP---SVREVQE 3366

-TQLSRKLPGTT 1111
  || |   |:|
PAQLYRTTAGST 3380



human herpesvirus 4 (strain B95-8)
 herpesvirus 4, Epstein-Barr virus
985 #sequence_revision 25-Feb-1985 #text_change 23-Aug-1997
742
 Deininger, P.L.; Farrell, P.J.; Barrell, B.G.
1, 21-45, 1983
e analysis of the 17,166 bp EcoRI fragment C of B95-8 Epstein-Barr virus
er: A93065; MUID:85035713; PMID:6092825
742
 DNA
 <BAN>
ier, A.T.; Biggin, M.D.; Deininger, P.L.; Farrell, P.J.; Gibson, T.J.; H
211, 1984
uence and expression of the B95-8 Epstein-Barr virus genome.
er: A03794; MUID:84270667; PMID:6087149
tation; protein coding region
equence contains four perfect repeats (residues 149-273, 274-398, 399-52
man herpesvirus 4 BHLF1 protein

           2.9%;  Score 172.5;  DB 1;  Length 660;
ilarity   26.1%;  Pred. No. 0.00064;
 Conservative   16;  Mismatches  159;  Indels   91;  Gaps   16;

VC--GPPLYQLGAATQA--RPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGAR 222
| |  ||| :||| |   | ||      |  || | |    | :|   | | |||
RCPAGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPGCPRTWR---RRSGAQRGHPPPGAG 300

GSASRSLP-LPKRPRRGAAPEP-ERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCV-VSPAR-- 277
    :   |  |  |   ||| |     |  |:  ||  |  ||:|      : | |
SGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSGATPHPERGSGPADPPAAARLPPERQE 360

-----------PAEEATSLEGAL---------------------------SGTRHSHP 297
           ||    :  ||                             || :  ||
LPQDLAAAQRCPAGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPGCPRTWRRRSGAQRGHP 420
```

```
Qy        298 SVGRQHHAGPPSTSRPPRPW--DTPCPP--------VYAETKHFLYSSGDKE--
                |       |:  ||  |    ||  |            | |    ||  :
Db        421 PPGAGQRPSGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSGATPHPERGSGPADP

Qy        343 PSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPG-----TPRRLPRLPQ-------
              |      |   |  |:|       |  |   |     | ||  |  |:
Db        481 PERQEPRLPQDLAAAQRCP----AGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPG

Qy        390 RPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL--RAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEE
              |             | |   :   |   | |   | |  |   | |  | |
Db        537 RS-----GAQRGHPPPGAGQRPSGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSG

RESULT 9
A59295
unconventional myosin-15 - mouse
C;Species: Mus musculus (house mouse)
C;Date: 09-Jun-2000 #sequence_revision 09-Jun-2000 #text_change 08-
C;Accession: A59295
R;Liang, Y.; Wang, A.; Belyantseva, I.A.; Anderson, D.W.; Probst, F.
an, T.B.; Fridell, R.A.
Genomics 61, 243-258, 1999
A;Title: Characterization of the human and mouse unconventional myos
A;Reference number: A59266; MUID:20021762; PMID:10552926
A;Accession: A59295
A;Status: preliminary; not compared with conceptual translation
A;Molecule type: mRNA
A;Residues: 1-3511 <LIA>
A;Cross-references: GB:AF144095; NID:g6224684; PIDN:AAF05904.1; PID:
C;Genetics:
A;Gene: MGI:Myo15
A;Cross-references: MGI:1261811
A;Map position: 11:33.9
C;Superfamily: myosin motor domain homology
F;1209-1871/Domain: myosin motor domain homology <MMO>

  Query Match             2.4%;  Score 144;  DB 2;  Length 3511;
  Best Local Similarity  17.6%;  Pred. No. 0.59;
  Matches  189;  Conservative  117;  Mismatches  385;  Indels  380;

Qy          3 RAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLV
              | ||  :    || |               |  |               |   |
Db        677 RPPRLASPYGSLRQH---------------PPPW--------------AAPAHV

Qy         60 --WDARPPPAA---------------PSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNV
                |    ||                 ||||                  |
Db        708 NWWGFAEPPGTSPEVAPDLLAFPVPRPSFR----------------ASRSRSRR

Qy        103 LLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTD--ALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLA
                       |    :  | :||:      :| | |
Db        752 --------SPSLIGSRRRPHLPSPQPSLRSLPGQG-------------------

Qy        161 LVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPL
                     :   ||   ||        ||    |||      |:  |:| |   |
Db        779 ------YHSPLGPLSPQLSLRRGPFQPPFPPPPRRPQSLREAF--SLRRASGRL

Qy        216 ------LPAPGARRRGGSASRSLPLPKR-----------PRRGAAPEPERT---
                     |:|    : |   ||| || |           | |   |   |
Db        831 VLGSPRPPSPPPLLKHGPRHRSLNLPSRLPRTWRRLSEPPTRAVKPWVHRAYPP

Qy        256 WAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPS
              |   | : |  :            ::    |   | |  : | :        |
Db        891 W---GASTGALE------------QQENQREAEDSETPWTVPPLAPSWDVDMPP

Qy        316 PWDTPC--------PPVYAETKHFLYSS-------------------GDKEQLR
              ||            ||   |     ::|                   |
Db        936 PWPEGIGSLRGFSRPPPVPENPLLEHTSPSCEPQSEDRVSNLTGIFLGQHHDPG

Qy        349 SLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRL-PRLPQRYWQMRPLFLELLGNH--
              |  |||    :  | : ||  |  |  |  | |  | :        | |  ::
Db        996 SADPSL---EKPEEVVTLGD-PQPPAEPEALNPTPPNKNVVSERKVLRLSASYP
```

```
AQCP----YGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGS-------------------- 434
|  |    :  : :|  ||     |   : | |:|:
ATWPQWHRWKTVSRTPAPLAPTRAPGPLLKAGEQPRAEPGRFAVVMPQVRGVSSFRPK 1111

--VAAPEEEDTDPRR---------------------LVQLLRQHSSPWQVYGFVRAC 468
  |  ||  | || :                      |   :| :||   : |    |
APVQPPEHPDQDPEQGPAPQACSLRWPCLWPPTDAHCLWSRIRTYSSQSHLRGHGGDC 1171

RL---VPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPG 525
 |     |  |    |:   :||     |  :| :  ::::|    :::   |
SLWKKTRPQSW---QNKMHSIRNLPSMRSREQHREDGVEDMTQLEDLQETTVLAN--- 1225

CVPAAEHRLREEILAKFL---------HWLMSVYVVELLRSF------------FYVT 564
     : |    ::  ::         : : ::|  | :: :            | :
----LKTRFERNLIYTYIGSILVSVNPYRMFAIYGPEQVQQYSGRALGENPPHLFAIA 1279

TFQK------NRLFFYR------KSVWSKL---------QSIGIRQHLKRVQLRELSE 603
 | |      |:           |:  :||         |   : | :| ::   | |
AFAKMLDAKQNQCVIISGESGSGKTEATKLILRCLAAMNQRRDVMQQIKILEATPLLE 1339

----EVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER----- 653
     ||    :|       :    :   :   :   |::       : : ||
GNAKTVRNDNSSR---FGKFVEIFLEGGVICGAITSQYLLEKSRIVFQAKNERNYHIF 1396

----LTSRVKALFSVLNYE------RARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQD 701
    | ::::  ||:   |      :     : | |    ||  |
LLAGLPAQLRQAFSLQEAETYYYLNQGGNCEIAGKS--DADDFRR------------- 1441

PELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKS 761
       ::| | : :  || :  ::|||:   | |  :     |: |
---LLAAMEVLG-FTSEDQDSIFRILASILHLGNVYFEKHETDAQEVA---------- 1485

STLTDLQPYMRQFVAHLQETSP--LRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVR 819
 :  ::|      || | : ||  |: |:  : : :: |       :|       ||
VSAREIQA-----VAELLQVSPEGLQKAITFKVTETIRE------KIFTPLTVESAVD 1534

GKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGI--RRDGLLLRLVD 868
               :: :| :| :| :  :: | :  ::| | : ::|
-------------DAIAKVLYALLFGWLITRVNALVSPKQDTLSIAILD 1572



ein KIAA0522 - human (fragment)
apiens (man)
99 #sequence_revision 22-Jan-1999 #text_change 21-Jul-2000
80
ikawa, K.; Miyajima, N.; Tanaka, A.; Kotani, H.; Nomura, N.; Ohara, O.
, 1998
ion of the coding sequences of unidentified human genes. IX. The complet
r: Z14086; MUID:98290545; PMID:9628581
80
nary; translated from GB/EMBL/DDBJ
mRNA
0 <NAG>
s: EMBL:AB011094; NID:g3043567; PIDN:BAA25448.1; PID:g3043568
urce: brain; clone HG1393


              2.4%;  Score 142.5;  DB 2;  Length 1560;
larity   29.5%;  Pred. No. 0.25;
 Conservative   15;  Mismatches   89;  Indels   51;  Gaps   12;

YQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVP------LGLPAPGARRRGG 226
 |||:     ||| || |   :|  |   |      ||      || |    ||  |
PQLGSI----PPPPASAP--PVGPHR---HFHAHGPVPGPQHYTLGRPGRAPRRGAG 1415

RSLPLPKRP-RRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSL 285
:  |  : |  :  :| |  :|  |   ||    :||    |       ||  |
QFAPHGRHPLHQPTSPLPLYSPAPQHPPAH---KQGPKHFIFSHHPQMMPAAGAAGG 1472

L-SGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSR---PPRPWDTPCPPVYAETKHF---------- 331
```

```
               |:   |  :|||     ||   | :     || |   | ||    | |
Db       1473 PGSRPPGGSYSHP-----HHPQSPLSPHSPIPPHPSYPPLPPPSPHTPHSPLP

Qy        332 LYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPW 371
              |::||   |  |   : : |||             || ||
Db       1528 LHASGPPAQPTPP--VQTPRPSQA-----------GSAPW 1554

RESULT 11
T18314
hypothetical protein L7610.4 - Leishmania major
C;Species: Leishmania major
C;Date: 15-Oct-1999 #sequence_revision 15-Oct-1999 #text_change 15-
C;Accession: T18314
R;Oliver, K.; Murphy, L.; Quail, M.; Lawson, D.; Harris, D.; Rajand
submitted to the EMBL Data Library, May 1999
A;Reference number: Z18876
A;Accession: T18314
A;Status: preliminary; translated from GB/EMBL/DDBJ
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-1892 <OLI>
A;Cross-references: EMBL:AL034356; NID:e1371878; PID:e1371559; PIDN:
C;Genetics:
A;Note: L7610.4

  Query Match              2.4%;  Score 140.5;  DB 2;  Length 1892;
  Best Local Similarity   23.4%;  Pred. No. 0.44;
  Matches  111;  Conservative   47;  Mismatches  195;  Indels  121;

Qy         44 PAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVL
              |::        :| ||   :| || |   ::  |     |          :| :
Db        366 PSSLHPQQQPVIVLVP---QPRPAPPQQERLPRLYSSTTRPAGGPSRGAVQNNI

Qy        104 LDGARGGPPEAFTTSVRS-----YLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHL
               | : |      | | |:       | | :|   ||  :| :
Db        423 EDTSSGASEVTSTRSSRTRQVFRRAPVTASDIPTGS-PYGAM------------

Qy        159 FVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASG-----PRRRLGC--------
              : :| |     :  ||     ||:   ||| |       |:    |
Db        466 YAVVMPQ--RSLPAPPKTGASAASAGLPPPSAPAEAAQQPQHNSRCPPSSSRPS

Qy        205 HSVREAGVPLGLPAPGAR---------RRGGSASRSLP----LPKRP--RRGAA
              |: ||   ||  | |  |         :|  :|   ||    ||  |
Db        524 HAAREQ--PLPQPPPQKRPALPQRHQPQRAETAKSQLPPRMRLPADPFYSEELI

Qy        250 PVGQGSWAHPGRTRGPSDR-GFCVVSPARPA-----EEATSLEGALSGTRHSHP
                 :|:|     |:    | |  |  |::       ||  ||   ||    : |
Db        581 ---EGAWDGNASTQQSGHRGGHSVRVPSQQQLSLSHEEDLSLSAMLSSATVAAP

Qy        303 HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTG
               :||  :    |||   | ||   :     |:: ::|                |
Db        638 PYAGHTAPDGEPRPLHVPMPPPIIQRP---YAATEEE----------------G

Qy        362 ETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYG--VLLKTHC
                :    |     :||  |          |    || :      |     :|
Db        679 RKVTAPQRESDAPSPRHSP----------PAEHTLLHSRGAADAGEAAAKETRE

Qy        419 ----VTPAAGVCAREKPQ-------GSVAAPEEEDTDPRRLVQ---LLRQHSSP
                      ||| : :|||       ||   |  :| |   |::   |: | | |
Db        729 EAVTAMTTAGVQSSKKPQQLQHEPDGS---PNGDDVD--ELLEADDLIMQPSRP

RESULT 12
EDBEIF
immediate-early protein IE180 - suid herpesvirus 1 (strain Indiana-F
C;Species: suid herpesvirus 1
C;Date: 30-Jun-1990 #sequence_revision 30-Jun-1990 #text_change 16-F
C;Accession: S04713
R;Cheung, A.K.
Nucleic Acids Res. 17, 4637-4646, 1989
A;Title: DNA nucleotide sequence analysis of the immediate-early gen
A;Reference number: S04713; MUID:89315207; PMID:2546124
A;Accession: S04713
```

```
 DNA
60 <CHE>
erpesvirus immediate-early protein IE175
binding; early protein; transcription regulation

            2.3%;  Score 140;  DB 1;  Length 1460;
ilarity   24.3%;  Pred. No. 0.33;
 Conservative   35;  Mismatches  163;  Indels  158;  Gaps   27;

RALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLD 105
| :: : | | |     |  ||:    :||:|: | :|                || |
RGVLERLLPC-PLRLPAPARAPAALGPACLEEVTAALL----------------ALRD 746

RG-GPPE---------AFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLAR 155
 | || |             :|   :  :|  |     ||
PGAGPAERQQAADSVALVARTVAPLVRYSVDGARAREAAW---------------TYA 791

LFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNH---------S 206
||   ||:    | |  |    |   ||| |    |    |    |           :
LF---APA---NVAGARL----AEAAARPGPAEPAP----GLPPLWPEQPGLVVPAPA 837

EAGVPLGLPAPG----ARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRT 262
 || | |||  |    |  : ||:::|    |    |::          |    | |
AAGAPSGLPGSGPSSPASTKSGSSTKSSSGTKSGLSGSS----------GYARLPRRR 887

PSDRGFCVVSP----ARP--AEEATSLEG-ALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRP-- 313
|| |     :|     ||   ||   | | || |  | |     :   ||    |
PSARAAQEEAPRAGARRPGDGEEDEGLSGSALRGDGHGHRD--DEEDRGPRRKRRSLG 945

PRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPW 371
| |   | | : : :     || : ::||        ||             ||  |
PAP--DPAPALVSSSSS--SSSSEDDRLR--------RP-------------LGPMPE 980

GTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP----------------L 415
       |:|                |   |    |  :||
APDGGFRRVPAG------------ETHTPRPSAAALAAYCPPEVARALVDQEVFPELW 1028

AVT--PA--AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQV 461
|:|  ||  | : ||   :|:  ||       ||    :|| : |  |
ALTFDPAALAHIAAR---RGAAGAP------LRRRAAWMRQIADPEDV 1069


 ATP-binding protein - Deinococcus radiodurans (strain R1)
coccus radiodurans
999 #sequence_revision 03-Dec-1999 #text_change 17-Mar-2000
311
en, J.A.; Heidelberg, J.F.; Hickey, E.K.; Peterson, J.D.; Dodson, R.J.;
Vamathevan, J.J.; Lam, P.; McDonald, L.; Utterback, T.; Zalewski, C.; Ma
 Venter, J.C.; Fraser, C.M.
1-1577, 1999
sequence of the radioresistant bacterium Deinococcus radiodurans R1.
er: A75250; MUID:20036896; PMID:10567266
311
inary
 DNA
2 <WHI>
es: GB:AE002048; GB:AE000513; NID:g6459929; PIDN:AAF11688.1; PID:g645993
ource: strain R1


1


            2.3%;  Score 139.5;  DB 2;  Length 552;
ilarity   22.3%;  Pred. No. 0.094;
 Conservative   38;  Mismatches  196;  Indels  233;  Gaps   27;

SGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAP------------------SCAYQVCGP 173
|    |  |  |    :   :  :|| |:||                  :       |
S---RLQFRVSGKSTRIRFTSTESLFCLLAPLGLTIASSTGSFIHSSDVAATTAAPRP 80

---LYQLGAATQARPPPHASGPRRRLG------------------------------C 199
```

```
              |     :: ||   | | | | || ||
Db         81 PGTRHRHRRGAG--AAPRPFADGPARRGAAAGGAERRRQNHAAAAARRASCARE

Qy        200 ERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQ
               |    : | ||     |  |   | |  | |     | || |     |||
Db        139 ARRTGSAFRRAGA--AYPERGGAGRRGVLSHSRLGTDRARRAAGGRGGRTPAAV

Qy        260 GRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRP
               ||  |  ||           : |   |||:| | |||       | ||   : |
Db        195 -RTTRPVGRG-----------DYTDRRGALAGARLSHPLA----RAAPPGDAGP

Qy        320 PCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMP
                                             ||    |               |
Db        233 -------------------------------RPDARAA---------------P

Qy        380 PRLPQRYWQMRPLFLEL---LGNH--------------AQCPYGVLLKTHCPLR
               | |:|    ||         | |              |:  ||        |
Db        247 HRWPERSGPRRPRRRAAPGPCGGHGVGAGDPPARGSPDAELAHGVRSGRRTERR

Qy        423 -----AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTD----------PRRLVQLLRQHSSPWQV
                   :|  :     |: |  |  | :          |        ||   | |
Db        307 RSPRYSGGASTGPLCGTAALVELTDAEVFRNGHRALGPLSWTWAAGQH---WLV

Qy        465 VRACLRRLVP----PGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSV
               :: | ||:     | | ||    | ||
Db        364 GKSTLARLIAGELHPALGGS--VARPFL-------------------------A

Qy        520 LRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTE-----TTF
               ||: |   : :||  :|:        ||      ::: | |  ||      |
Db        397 RRRTTG---LVSAEVGIRQRSGVSGREWLGR----DVIASAFAGTEGFTGDVTA

Qy        575 FYRKSVWSKLQSIGIR-----------QHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALL
                    |  : ::  |           | | : ||| |  |    ||  |  ||
Db        446 ------WDAVGTLAERLELGELLSRDVQALSQGQLRRLLLARAAVHR-PRLLLL

Qy        624 I 624
              :
Db        499 V 499


RESULT 14
S27923
gene LF3 protein - human herpesvirus 4
C;Species: human herpesvirus 4, Epstein-Barr virus
C;Date: 19-Mar-1997 #sequence_revision 19-Mar-1997 #text_change 31-J
C;Accession: S27923
R;Parker, B.D.; Bankier, A.; Satchwell, S.; Barrell, B.; Farrell, P.
submitted to the EMBL Data Library, August 1990
A;Description: Sequence and transcription of Raji Epstein-Barr virus
A;Reference number: S27923
A;Accession: S27923
A;Status: preliminary
A;Molecule type: DNA
A;Residues: 1-924 <PAR>
A;Cross-references: EMBL:M35547; NID:g330420; PIDN:AAA45896.1; PID:g
C;Superfamily: collagen alpha 1(I) chain; fibrillar collagen carboxy

  Query Match             2.3%;  Score 138.5;  DB 2;  Length 924;
  Best Local Similarity   27.0%;  Pred. No. 0.23;
  Matches   80;  Conservative   25;  Mismatches  136;  Indels   55;

Qy        179 GAATQARP-----PPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGV-----PLGLPAPGARI
              |||  | |      | | ||   |   : |   : | :|      |:| ||   |
Db         26 GAADPADPVGHPAAPRAPGPEPRTRLQPA---TPRRSGAADPADPVGHPA--API

Qy        229 SRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEAT
               |:   |  |||  | :|   |||     ||   | |       : || |
Db         81 PRTRLQPATPRRSGAADP-ADPVG-----HPAAPRAPGPEPRTRLQPATPRRSGA

Qy        289 LSGTRHSHPSVGRQHHAGP-----PSTSR------PPRPWDTPCPPVYAETKHFI
                |    ||:  |     |     |:| |      |  |   |  |
Db        135 PVG----HPAAPRAPGPEPRTRLQPATPRRSGAADPADPVGHPAAP--------
```

```
)LRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPG-TPR-RL-PRLPQRYWQMRPLFL 394
: |    |    |  :||    : :   : |  ||  || || |  |:|     |
'TR----LQPATPRRSGAADPADPVGHPAAPRAPGPEPRTRLQPATPRRSGAADP--A 235

'GNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQ 450
:| |   |     :    |: |    :|      | |  |||     :||  :|
/G-HPAAPRAPGPEPRTRLQPATPRRSGAADPADPVGHPAAPRAPGPEPRTRLQ 290



:ate receptor chain NMDAR2D-1 - rat
; norvegicus (Norway rat)
)99 #sequence_revision 10-Sep-1999 #text_change 10-Sep-1999
:19
.yoshi, K.; Sugihara, H.; Sakurada, K.; Kadotani, H.; Yokoi, M.; Akazawa
;8, 2836-2843, 1993
ır characterization of the family of the N-methyl-D-aspartate receptor s
er: A45219; MUID:93155102; PMID:8428958
:19
.nary; not compared with conceptual translation
 mRNA
;6 <ISH>
)urce: brain
 extracted from NCBI backbone (NCBIP:124264)
-methyl-D-aspartate receptor 2D; glutamate receptor homology
  glutamate receptor homology <GRH>

           2.3%;  Score 135;  DB 1;  Length 1356;
.larity   27.2%;  Pred. No. 0.67;
 Conservative   16;  Mismatches  102;  Indels  118;  Gaps   22;

)ARPPPAA-----PSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDG------- 106
 | ||| |     ||                      :::  : | | | |
:AAPPPCAYLDLEPS-------------------PSDSEDSESLGGASLGGLEPWWFA 1124

-----ARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRG--SGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCA 157
      | |||     ||         | | |  :|:|  |  | |          ||
'YPYAERLGPPPGRYWSV---------DKLGGWRAGSWDYLPPRGGP---AWHCRHCA 1172

'LVAP----SCAYQVC-----GPPLYQLGAATQARPPPHASGP----RRRLGCERAWN 204
 |: |    ||::         ||           ||| |:||    | | || |
:LLPPPRHLSCSHDGLDGGWWAPP-----------PPPWAAGPPPRRRARCGCPRPHP 1221

'REA-GVPLGLPAPGARRR--GG-------SASRSL-PLPKRPRRGAAPEPERT-PVG 252
 | :   |   |     ||  ||         ||||  |  ||     | | ||   |
'RASHRAPAAAPHHHRHRRAAGGWDFPPPAPTSRSLEDLSSRP----CP-PHRTGDTG 1276

'WAHPGRTRGPSDRGFCVVSP-------ARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHA 305
 ||| |  |         :||       | ||   |    ::|     |   ||
'WAHAGALR---------ISPAWSPRYDAAPAPTPTPAAPSVSA---GHGPRGRAKWT 1324

'STSR----PPR--PWDTPCPP 323
    :    | |  |    | |
 WVGKDRNGPGRTPPGAASCAP 1348


 April 22, 2004, 00:17:19
s
```

```
             GenCore version 5.1.6
 Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

ein search, using sw model

pril 21, 2004, 21:01:06 ; Search time 22 Seconds
                              (without alignments)
                              2679.246 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-2
961
 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

LOSUM62
apop 10.0 , Gapext 0.5

41681 seqs, 52070155 residues

its satisfying chosen parameters:      141681

ngth: 0
ngth: 2000000000

 Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries

 SwissProt_42:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                        SUMMARIES
 %
uery
atch Length DB  ID                         Description
-----------------------------------------------------------
00.0   1132  1  TERT_HUMAN                 O14746 homo sapien
58.8   1122  1  TERT_MOUSE                 O70372 mus musculu
10.0    988  1  TERT_SCHPO                 O13339 schizosacch
 7.5   1031  1  TERT_EUPAE                 O00939 euplotes ae
 6.6   1132  1  TERT_OXYTR                 O76332 oxytricha t
 6.1   1117  1  TERT_TETTH                 O77448 tetrahymena
 6.0    884  1  TERT_YEAST                 Q06163 saccharomyc
 3.0   3530  1  MY15_HUMAN                 Q9ukn7 homo sapien
 2.9    660  1  YHL1_EBV                   P03181 epstein-bar
 2.5    653  1  SF01_MOUSE                 Q64213 mus musculu
 2.5   1003  1  MBD6_HUMAN                 Q96dn6 homo sapien
 2.4   3511  1  MY15_MOUSE                 Q9qzz4 mus musculu
 2.4   1461  1  IE18_PRVIF                 P11675 pseudorabie
 2.3    997  1  IF2_BORPE                  Q7vyr2 bordetella
 2.2    623  1  DTX1_XENLA                 Q8aw93 xenopus lae
 2.2    946  1  IP3L_HUMAN                 P27987 homo sapien
 2.2   1185  1  DRPL_HUMAN                 P54259 homo sapien
 2.2    657  1  DEND_HUMAN                 O94850 homo sapien
 2.2    888  1  SM6B_HUMAN                 Q9h3t3 homo sapien
 2.2   1446  1  IE18_PRVKA                 P33479 pseudorabie
 2.2    621  1  VP40_HSVBC                 P54817 bovine herp
 2.2   2716  1  OSA_DROME                  Q8in94 drosophila
 2.2    709  1  ANDR_RABIT                 P49699 oryctolagus
 2.2    628  1  V70K_TYMV                  P10357 turnip yell
 2.1   1048  1  SRA4_RAT                   Q63627 rattus norv
 2.1   1226  1  CDN1_HUMAN                 Q8iwy9 homo sapien
 2.1    505  1  WASL_BOVIN                 Q95107 bos taurus
 2.1    997  1  IF2_BORBR                  Q7whg2 bordetella
 2.1    720  1  GTSE_HUMAN                 Q9nyz3 homo sapien
 2.1   1298  1  ICP4_HSV11                 P08392 herpes simp
 2.1    503  1  WAIP_HUMAN                 O43516 homo sapien
 2.1    653  1  DEND_RAT                   P50617 rattus norv
 2.1    704  1  SYN1_RAT                   P09951 rattus norv
```

```
    34     123     2.1    646  1  VP40_HSVEB                 P28936 eq
    35     123     2.1    916  1  RTJK_DROME                 P21328 dr
    36     123     2.1    960  1  SM6C_RAT                   Q9wtl3 ra
    37   122.5     2.1    276  1  PRPL_HUMAN                 P10162 ho
    38   122.5     2.1   1083  1  T2D3_HUMAN                 O00268 ho
    39     122     2.0    872  1  IP3L_RAT                   P42335 ra
    40     122     2.0   1522  1  ARHB_HUMAN                 O15085 ho
    41     122     2.0   2715  1  MLL4_HUMAN                 Q9umn6 ho
    42   121.5     2.0    234  1  PRPM_HUMAN                 P10161 ho
    43   121.5     2.0    620  1  EXTN_TOBAC                 P13983 ni
    44   121.5     2.0    942  1  M3KE_MOUSE                 Q9wul6 mu
    45   121.5     2.0   1321  1  IRS2_MOUSE                 P81122 mu


                           ALIGNMENTS


RESULT 1
TERT_HUMAN
ID   TERT_HUMAN     STANDARD;      PRT;  1132 AA.
AC   O14746; O14783;
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Created)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last sequence update)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase catal
DE   subunit) (HEST2).
GN   TERT OR TRT OR EST2 OR TCS1.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostom
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   TISSUE=Kidney;
RX   MEDLINE=97400623; PubMed=9252327;
RA   Nakamura T.M., Morin G.B., Chapman K.B., Weinrich S.L., Andrews
RA   Lingner J., Harley C.B., Cech T.R.;
RT   "Telomerase catalytic subunit homologs from fission yeast and h
RL   Science 277:955-959(1997).
RN   [2]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=97433088; PubMed=9288757;
RA   Meyerson M., Counter C.M., Eaton E.N., Ellisen L.W., Steiner P.,
RA   Caddle S.D., Ziaugra L., Beijersbergen R.L., Davidoff M.J., Liu
RA   Bacchetti S., Haber D.A., Weinberg R.A.;
RT   "hEST2, the putative human telomerase catalytic subunit gene, i
RT   regulated in tumor cells and during immortalization.";
RL   Cell 90:785-795(1997).
RN   [3]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=99267414; PubMed=10333526;
RA   Wick M., Zubov D., Hagen G.;
RT   "Genomic organization and promoter characterization of the gene
RT   encoding the human telomerase reverse transcriptase (hTERT).";
RL   Gene 232:97-106(1999).
RN   [4]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RA   Londono-Vallejo J.A.;
RT   "Sequence of a BAC carrying the entire hTERT gene.";
RL   Submitted (OCT-2001) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- FUNCTION: Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential
CC       the replication of chromosome termini in most eukaryotes. It
CC       elongates telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
CC       simple sequence repeats to chromosome ends by copying a temp
CC       sequence within the RNA component of the enzyme.
CC   -!- SUBUNIT: Interacts with PINX1.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Nuclear.
CC   -!- DISEASE: Activation of telomerase has been implicated in cel
CC       immortalization and cancer cell pathogenesis.
CC   -!- SIMILARITY: Belongs to the reverse transcriptase family.
CC       Telomerase subfamily.
CC   ----------------------------------------------------------------
CC   This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a col
```

```
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
quires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
email to license@isb-sib.ch).
---------------------------------------------------------------
50; AAC51672.1; -.
67; AAC51724.1; -.
94; AAD30037.1; -.
93; AAD30037.1; JOINED.
85; AAG23289.1; -.
 T03844.
11730; TERT.
 -.
96; C:telomere; TAS.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; TAS.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 1.
365; TELOMERASERT.
 RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear protein;

 516    516       D -> G (IN REF. 2).
132 AA;  126996 MW;  94E35469C4CA33A0 CRC64;

          100.0%;  Score 5961;  DB 1;  Length 1132;
larity    100.0%;  Pred. No. 0;
 Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
```

```
Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVT

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMR

Qy        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 QETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQG

Qy        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY

Qy        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 RKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSI

Qy        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 NRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHA

Qy       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 FHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLC

Qy       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 KLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1


RESULT 2
TERT_MOUSE
ID   TERT_MOUSE     STANDARD;      PRT;  1122 AA.
AC   O70372; O35432;
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Created)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last sequence update)
DT   28-FEB-2003 (Rel. 41, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase catal
DE   subunit).
GN   TERT.
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; M
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=98241176; PubMed=9582020;
RA   Greenberg R.A., Allsopp R.C., Chin L., Morin G.B., DePinho R.A.;
RT   "Expression of mouse telomerase reverse transcriptase during
RT   development, differentiation and proliferation.";
RL   Oncogene 16:1723-1730(1998).
RN   [2]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=98393668; PubMed=9724727;
RA   Martin-Rivera L., Herrera E., Albar J.P., Blasco M.A.;
RT   "Expression of mouse telomerase catalytic subunit in embryos and
RT   adult tissues.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 95:10471-10476(1998).
RN   [3]
RP   SEQUENCE OF 550-616 FROM N.A.
RA   Drissi R., Cleveland J.L.;
RT   "Partial sequence of Mus musculus telomerase catalytic subunit
RT   homolog.";
RL   Submitted (OCT-1997) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC   -!- FUNCTION: Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential
CC       the replication of chromosome termini in most eukaryotes. It
CC       elongates telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
CC       simple sequence repeats to chromosome ends by copying a temp
CC       sequence within the RNA component of the enzyme.
```

```
 Interacts with PINX1 (By similarity).
LAR LOCATION: Nuclear.
TY: Belongs to the reverse transcriptase family.
se subfamily.
-----------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
-----------------------------------------------------------
11; AAC09323.1; -.
11; AAC34821.1; -.
35; AAB84200.1; -.
2709; Tert.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 1.
365; TELOMERASERT.
 RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear protein;

553    553       I -> V (IN REF. 3).
122 AA;  127977 MW;  F85266905DD6558C CRC64;

         58.8%;  Score 3505;  DB 1;  Length 1122;
larity   62.4%;  Pred. No. 7.8e-216;
Conservative  122;  Mismatches  260;  Indels   52;  Gaps   13;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||| |||||||| |||| |||||||||||:| |||| |||  :| ||||||||: |
APRCPAVRSLLRSRYREVWPLATFVRRLGPEGRRLVQPGDPKIYRTLVAQCLVCMHW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||  || ||| ||||||||:||||||  :||||||| ||: |||||| |||:|||
PPPADLSFHQVSSLKELVARVVQRLCERNERNVLAFGFELLNEARGGPPMAFTSSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||| : || |||| ||| |||||:||:||| |||::|| ||||||||| ||||: |
PNTVIETLRVSGAWMLLLSRVGDDLLVYLLAHCALYLLVPPSCAYQVCGSPLYQICA 180

ARPPPHAS-GPRRRLG--------CERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRS 231
  |   ||  | | :|         ::  : | :||  || ||: | :|     | |
IWPSVSASYRPTRPVGRNFTNLRFLQQIKSSSRQEAPKPLALPSRGTKRHLSLTSTS 240

PKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPAR-----PAEEATSLE 286
 |: |    |  |  |       |      || : : | ||||      ||:  | :
AKKARCYPVPRVEEGP-------HRQVLPTPSGKSW-VPSPARSPEVPTAEKDLSSK 292

SGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGD-KEQLRPSF 345
|    |  ||  :|     |   |||       | : ||:||||| || :|:| |||
SDLSLS-GSVCCKHKPSSTSLLSPPRQNAFQLRP-FIETRHFLYSRGDGQERLNPSF 350

SLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPY 405
:|:|:||||||||| |||||||   |   |  || :||||||||| :|| |||:| |
NLQPNLTGARRLVEIIFLGSRPRTSGPLCRTHRLSRRYWQMRPLFQQLLVNHAECQY 410

LKTHCPLRAA---VTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVY 462
|::||  | |   || |                   :| |  |: ||| ||||||||
LRSHCRFRTANQQVTDAL------------------NTSPPHLMDLLRLHSSPWQVY 452

RACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRR 522
|||| ::|   |||:||||||| :| ||||||||: ||||||| ||| | || |||
RACLCKVVSASLWGTRHNERRFFKNLKKFISLGKYGKLSLQELMWKMKVEDCHWLRS 512

VGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWS 582
   |||||||||| ||| || |||  |||:|||||||:||:||||||||||||||||
KDRVPAAEHRLRERILATFLFWLMDTYVVQLLRSFFYITESTFQKNRLFFYRKSVWS 572

SIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGA 642
|||:||||:||:|||||: ||| |::   |:   ||||||||:|||||||| | :|
SIGVRQHLERVRLRELSQEEVRHHQDTWLAMPICRLRFIPKPNGLRPIVNMSYSMGT 632
```

```
Qy        643 RTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLR
              |   | |:|:  | |:| |||:||||| : | |:|:||||::||:| || ||||
Db        633 RALGRRKQAQHFTQRLKTLFSMLNYERTKHPHLMGSSVLGMNDIYRTWRAFVLR

Qy        703 PPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIK-PQNTYCVRRYAVVQKAAHGHV
               | :|||| ||||||| ||| :| ||:|::|:  ::|||:|:||||:: : | |
Db        693 TPRMYFVKADVTGAYDAIPQGKLVEVVANMIRHSESTYCIRQYAVVRRDSQGQV

Qy        762 HVSTLTDLQPYMRQFVAHLQET--SPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFM
               |:||:|||||| ||: |||::  | ||::|||||| |:||:|| ||| || |:
Db        753 QVTTLSDLQPYMGQFLKHLQDSDASALRNSVVIEQSISMNESSSSLFDFFLHFL

Qy        820 IRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLV
              |  : | ||||||||| |||||||||:||||||||| ::||||||| |||||||
Db        813 IGDRCYTQCQGIPQGSSLSTLLCSLCFGDMENKLFAEVQRDGLLLRFVDDFLLV

Qy        880 AKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGL
              ||||| ||| |||||||::||:|||||||||   ||| |  |:||| |||||||
Db        873 AKTFLSTLVHGVPEYGCMINLQKTVVNFPVEPGTLGGAAPYQLPAHCLFPWCGL

Qy        940 LEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNS
              |||  ||| ||:|||: ||||   ||||: || ||  ||||||| |||||||||
Db        933 LEVFCDYSGYAQTSIKTSLTFQSVFKAGKTMRNKLLSVLRLKCHGLFLDLQVNS

Qy       1000 NIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAG
              ||||| |||||||||||:|||| |:| || |||| :||  || ||:||| || |
Db        993 NIYKIFLLQAYRFHACVIQLPFDQRVRKNLTFFLGIISSQASCCYAILKVKNPG

Qy       1060 GAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLT
              |:    | ||  |||:|||||||  | | |  ||| |||||  | ||||  |:|
Db       1053 GS---FPPEAAHWLCYQAFLLKLAAHSVIYKCLLGPLRTAQKLLCRKLPEATMT

Qy       1120 NPALPSDFKTILD 1132
              :||| :||:||||
Db       1110 DPALSTDFQTILD 1122


RESULT 3
TERT_SCHPO
ID   TERT_SCHPO     STANDARD;      PRT;   988 AA.
AC   O13339; O13338;
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Created)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last sequence update)
DT   28-FEB-2003 (Rel. 41, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase cataly
DE   subunit).
GN   TRT1 OR SPBC29A3.14C.
OS   Schizosaccharomyces pombe (Fission yeast).
OC   Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Schizosaccharomycetes;
OC   Schizosaccharomycetales; Schizosaccharomycetaceae;
OC   Schizosaccharomyces.
OX   NCBI_TaxID=4896;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   STRAIN=972;
RX   MEDLINE=97400623; PubMed=9252327;
RA   Nakamura T.M., Morin G.B., Chapman K.B., Weinrich S.L., Andrews
RA   Lingner J., Harley C.B., Cech T.R.;
RT   "Telomerase catalytic subunit homologs from fission yeast and hu
RL   Science 277:955-959(1997).
RN   [2]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   STRAIN=972;
RX   MEDLINE=21848401; PubMed=11859360;
RA   Wood V., Gwilliam R., Rajandream M.A., Lyne M., Lyne R., Stewart
RA   Sgouros J., Peat N., Hayles J., Baker S., Basham D., Bowman S.,
RA   Brooks K., Brown D., Brown S., Chillingworth T., Churcher C.M.,
RA   Collins M., Connor R., Cronin A., Davis P., Feltwell T., Fraser
RA   Gentles S., Goble A., Hamlin N., Harris D., Hidalgo J., Hodgson
RA   Holroyd S., Hornsby T., Howarth S., Huckle E.J., Hunt S., Jagels
RA   James K., Jones L., Jones M., Leather S., McDonald S., McLean J.
RA   Mooney P., Moule S., Mungall K., Murphy L., Niblett D., Odell C.
```

```
R     )'Neil S., Pearson D., Quail M.A., Rabbinowitsch E.,
R     <., Rutter S., Saunders D., Seeger K., Sharp S.,
R      Simmonds M., Squares R., Squares S., Stevens K.,
R     :aylor R.G., Tivey A., Walsh S.V., Warren T., Whitehead S.,
R     , Volckaert G., Aert R., Robben J., Grymonprez B.,
R     , Vanstreels E., Rieger M., Schaefer M., Mueller-Auer S.,
R     ichs M., Fritzc C., Holzer E., Moestl D., Hilbert H.,
R     Langer I., Beck A., Lehrach H., Reinhardt R., Pohl T.M.,
R     nmermann W., Wedler H., Wambutt R., Purnelle B.,
R      Cadieu E., Dreano S., Gloux S., Lelaure V., Mottier S.,
R     , Aves S.J., Xiang Z., Hunt C., Moore K., Hurst S.M.,
R     ochet M., Gaillardin C., Tallada V.A., Garzon A., Thode G.,
R     Cruzado L., Jimenez J., Sanchez M., del Rey F., Benito J.,
R     ., Revuelta J.L., Moreno S., Armstrong J., Forsburg S.L.,
R     . Lowe T., McCombie W.R., Paulsen I., Potashkin J.,
R     3.V., Ussery D., Barrell B.G., Nurse P.;
R      sequence of Schizosaccharomyces pombe.";
R     371-880(2002).
C     N: Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential for
C     lication of chromosome termini in most eukaryotes. It
C     es telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
C     sequence repeats to chromosome ends by copying a template
C     : within the RNA component of the enzyme.
C     ULAR LOCATION: Nuclear.
C     IVE PRODUCTS:
C     .ternative splicing; Named isoforms=2;
C
C     =O13339-1; Sequence=Displayed;
C
C     =O13339-2; Sequence=VSP_006395;
C     NEOUS: DELETION CAUSES TELOMERE SHORTENING AND SENESCENCE.
C     TY: Belongs to the reverse transcriptase family.
C     se subfamily.
C     --------------------------------------------------------------
C     ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
C     : Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
C     i Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
C     i-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
C     l this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
C     quires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
C     email to license@isb-sib.ch).
C     --------------------------------------------------------------
D     '83; AAC49802.1; -.
D     '83; AAC49803.1; -.
D     :99; CAA18391.1; -.
D      T03838.
D     pe; SPBC29A3.14c; -.
D     PR000477; RVTse.
D     PR003545; Telomerase_RT.
D     '8; rvt; 2.
D     .365; TELOMERASERT.
K      RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear protein;
K      Alternative splicing.
F     524    524        K -> KQ (in isoform 2).
F                       /FTId=VSP_006395.
S     988 AA;  116328 MW;  AB2DC7030228F443 CRC64;

                10.0%;  Score 594;  DB 1;  Length 988;
      .larity   22.3%;  Pred. No. 3.1e-30;
       Conservative  202;  Mismatches  379;  Indels  248;  Gaps   42;

Q     :RAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL--------- 55
       | :|  | : |  :  |  :|        :|| || ||:  : : : |
D     3RILR-FLENQYVYLCTLNDYV--------QLVLRGSPASSYSNICERLRSDVQTSFS 57

Q     ---VCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLK-ELVARVLQRLCERG---AKNVLAFGFAL-LD 105
           | :|::|      |    | : ||:| |:::: :      :|:|  ||::  :
D     .HSTVVGFDSKPDEGV-QFSSPKCSQSELIANVVKQMFDESFERRRNLLMKGFSMNHE 116

Q     :GGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPS 165
                 : |  || :   |  |  | |||  :| | : :||:: ::|  :
D     :AMHVNGVQNDLVSTFPNYLISILE-SKNWQLLLEIIGSDAMHYLLSKGSIFEALPND 175
```

```
Qy       166 CAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAP
                |: | ||::                           ::| |  |
Db       176 NYLQISGIPLFK---------------------------NNVFEETV-------

Qy       226 GSASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPA
              :   |:   |  |:            : ||
Db       201 RTIETSITQNKSARK------------EVSW-----------------------

Qy       286 EGALSGTRHS--HPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHF-LYSSG
               ::| :| |  : |  ::                      : :  :| |:|
Db       220 -NSISISRFSIFYRSSYKK----------------------FKQDLYFNLHSIC

Qy       343 PSFLLSSLRPSLTG------ARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRL----PRLPQRY
                 |  : |   |       ::| : | | |:  :   |:||    | : |
Db       257 --MWLQWIFPRQFGLINAFQVKQLHKVIPLVSQSTV--VPKRLLKVYPLIEQTA

Qy       393 FLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPR
              |  : ||  |||   : ||                          ::|
Db       313 SLSKVYNH-YCPY---IDTH--------------------------DDE-----

Qy       453 RQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQ
                  | ||: |:|: | |: |  :||::      |:: : |: | ::   ||
Db       335 SYSLKPNQVFAFLRSILVRVFPKLIWGNQRIFEIILKDLETFLKLSRYESFSLH

Qy       513 SVRDCAWL---RRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYV
              : :  ||   :||    |:  ::   |::| |:|::|| : ::: :|:||||:
Db       395 KISEIEWLVLGKRSNAKMCL--SDFEKRKQIFAEFIYWLYNSFIIPILQSFFYI

Qy       570 KNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRF
             :||  ::|| :| ||        :|     :::|  ||   : :  |  : :|
Db       453 RNRTVYFRKDIW-KLLCRPFITSMKMEAFEKINENNVRMDTQ-KTTLPPAVIRL

Qy       630 LRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRP------GLLG
              | | |:          |::   :: |  | | |     :  ||       |:
Db       511 FRLITNL----------RKRFLIKMGSNKKMLVST---NQTLRPVASILKHLIN

Qy       684 D---DIHRAWRTF---VLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIAS
                 :::    ||   :|: |      : |||::|:   || | || :  ::
Db       558 PFNLEVYMKLLTFKKDLLKHRMFG--RKKYFVRIDIKSCYDRIKQDLMFRIVKK

Qy       738 TYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVV
              : :|:|| :  |      | | |   :  |: |: :       :||   | : :
Db       616 -FVIRKYATIH-ATSDRATKNFVSEAFSYFDMVPFEKVVQLLSMKTS---DTLF

Qy       798 LNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMEN
               ::|| :| :    :  | |:|    |:|  |||||||||: ||     |: ::
Db       671 WTKSSSEIFKMLKEHLSGHIVKIGNSQYLQKVGIPQGSILSSFLCHFYMEDLID

Qy       858 RRDG-LLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVE
             :: | :|||:||||| :| :   || ||   :||  ::    :| |||:||   :
Db       731 KKKGSVLLRVVDDFLFITVNKKDAKKFLNLSLRGFEKHNFSTSLEKTVINFENS

Qy       917 TAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEV-----QSDYSSYARTSIRASLTFNRGFK
             | | :       |: |  :: |:|:      : | : :  ||:  :    : |
Db       791 TFFNESKKR--MPFFGFSVNMRSLDTLLACPKIDEALFNSTSVELTKHMGKSF--

Qy       972 RKLFGVLRLKCHS---LFLDLQVNSLQTVCTNIYKI-----LLLQAY 1010
                : :||    |   :|:|:  ||    | |||::     :  |||
Db       842 --FYKILRSSLASFAQVFIDITHNSKFNSCCNIYRLGYSMCMRAQAY 886

RESULT 4
TERT_EUPAE
ID   TERT_EUPAE     STANDARD;      PRT;  1031 AA.
AC   O00939;
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Created)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last sequence update)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase cataly
DE   subunit) (Telomerase subunit P123).
OS   Euplotes aediculatus.
OC   Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Spirotrichea; Hypotrichia;
OC   Euplotida; Euplotidae; Euplotes.
```

```
940;

M N.A.
4210; PubMed=9110970;
 Hughes T.R., Shevchenko A., Mann M., Lundblad V.,

nscriptase motifs in the catalytic subunit of
;
 561-567(1997).
: Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential for
ication of chromosome termini in most eukaryotes. It
s telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
equence repeats to chromosome ends by copying a template
 within the RNA component of the enzyme.
LAR LOCATION: Nuclear.
TY: Belongs to the reverse transcriptase family.
se subfamily.
------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
------------------------------------------------------------
; AAC47515.1; -.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 1.
365; TELOMERASERT.
 RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear protein;

031 AA;  122562 MW;  57B87A63A1FED60F CRC64;

           7.5%;  Score 448.5;  DB 1;  Length 1031;
larity   22.2%;  Pred. No. 6.3e-21;
Conservative  125;  Mismatches  303;  Indels   57;  Gaps   16;

ACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRS 523
     ::|      | | : | :  ||:: | ||  :    |  |:: |: :|::
EFFYNILPKDFLTGR-NRKNFQKKVKKYVELNKHELIHKNLLLEKINTREISWMQVE 419

GCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSK 583
      :|     :| | | |:    || |:| ||||||     :: ::|||::|
KHFYYFDHE-NIYVLWKLLRWIFEDLVVSLIRCFFYVTEQQKSYSKTYYYRKNIWDV 478

IGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGAR 643
: |   ||:  | |: | || : :::       :|| |||    |||:  :     :
MSIAD-LKKETLAEVQEKEVEEWKKSL-GFAPGKLRLIPKKTTFRPIMTFN----KK 532

REKRAERLTSRVKALFSVLNYERARR---PGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQ 700
 :::  :||:  | | | |  :  :        | :|   ||: : :  || : : |
SDRKTTKLTTNTKLLNSHLMLKTLKNRMFKDPFGFAVFNYDDVMKKYEEFVCKWK-Q 591

PELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVI---------------ASIIKPQNTYCVRRYAV 746
|:|:|  :|:   ||:: :::|:  :              | |:| :|   :
PKLFFATMDIEKCYDSVNREKLSTFLKTTKLLSSDFWIMTAQILKRKNNIVIDSKNF 651

AAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLF 806
    : |: |:  ::      | :   : : |     :  :::|           |
EMKDYFRQKFQK-IALEGGQYPTLFSVLENEQNDLNAKKTLIVEAKQRNYFKKDNLL 710

LRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRD------ 860
:    :: :   || | | :|||||  :|::| |  |  :|      :| :
INICQYNYINFNGKFYKQTKGIPQGLCVSSILSSFYYATLEESSLGFLRDESMNPEN 770

GLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALGGT 917
 ||:|| ||:||:|    :|  |:  |:    | |   |::|   :||:
NLLMRLTDDYLLITTQENNAVLFIEKLINVSRENGFKFNMKKLQTSFPLSPSKFAKY 830

QMPAHGLF----PWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFN-RGFKAGRNMRR 972
 :    :      | |: :| :|| :  : :      |  :|  | :  ||   :::
```

```
Db        831 GMDSVEEQNIVQDYCDWIGISIDMKTLALMPNINLRIE-GILCTLNLNMQTKKA

Qy        973 KLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCT------NIYKILLLQAYRFHACVLQLP
              ||   |       |        :|: |       : |: :   |::  |  :
Db        890 KLKSFLMNNITHYF-------RKTITTEDFANKTLNKLFISGGYKYMQCAKEYK

Qy       1027 KNPTFFLRVISDTASLCYSILKA 1049
              ||      :  : : : ||: :|
Db        941 KNLAMSSMIDLEVSKIIYSVTRA 963


RESULT 5
TERT_OXYTR
ID   TERT_OXYTR      STANDARD;      PRT;  1132 AA.
AC   O76332;
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Created)
DT   30-MAY-2000 (Rel. 39, Last sequence update)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase catal
DE   subunit) (Telomerase subunit P133).
GN   TERT.
OS   Oxytricha trifallax (Sterkiella histriomuscorum).
OC   Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Spirotrichea; Stichotrichia;
OC   Stichotrichida; Oxytrichidae; Sterkiella.
OX   NCBI_TaxID=94289;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=98337940; PubMed=9671703;
RA   Bryan T.M., Sperger J.M., Chapman K.B., Cech T.R.;
RT   "Telomerase reverse transcriptase genes identified in Tetrahymer
RT   thermophila and Oxytricha trifallax.";
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 95:8479-8484(1998).
CC   -!- FUNCTION: Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential
CC       the replication of chromosome termini in most eukaryotes. It
CC       elongates telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
CC       simple sequence repeats to chromosome ends by copying a temp
CC       sequence within the RNA component of the enzyme.
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Nuclear.
CC   -!- SIMILARITY: Belongs to the reverse transcriptase family.
CC       Telomerase subfamily.
CC   --------------------------------------------------------------
CC   This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a col
CC   between  the Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL ou
CC   the European Bioinformatics Institute.  There are no  restrictic
CC   use  by  non-profit  institutions as long  as its content  is  i
CC   modified and this statement is not removed.  Usage  by  and for
CC   entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch
CC   or send an email to license@isb-sib.ch).
CC   --------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF060230; AAC39163.1; -.
DR   PIR; T31107; T31107.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   Transferase; RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear prot
KW   DNA-binding.
SQ   SEQUENCE   1132 AA;  134124 MW;  81E145F5F24392DC CRC64;

  Query Match              6.6%;  Score 395;  DB 1;  Length 1132;
  Best Local Similarity   22.2%;  Pred. No. 1.8e-17;
  Matches  136;  Conservative  114;  Mismatches  305;  Indels   58;

Qy        450 QLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLS
              ||        |: |:   :  : |      : |:: | :   :|:    :    :
Db        451 QLFEYQQDQRQISNFLTEFVANVFPKNFLEGK-NKKIFNKKMLQFVKFNRFESFT

Qy        510 WKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEH---RLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFF
               |  | : :||       |    :       | :  | | |:     : |:| :|
Db        510 NKFRVNEVSWL----SFKCKDENKKFFMNENEHVFFKVLKWVFEDLAITLMRCYF

Qy        567 TFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRL
                :  |:|:|||::|: :  : |   ||:  |::: : |:|   |::      :|
Db        566 AKEYQRIFYYRKNIWNMIMRLSIDDLLKQ-NLKQVEKKEMRIFCESQ-NFAPGKL
```

```
 LRPIVNMDYVVGARTFRRE------KRAERLTSRVK---ALFSVLNYERARRPGLLG 677
  |||:         || |:      |   |:|:  |   |   : | :        |
 FRPIM---------TFNRKIPNQVGKFQSRMTTNNKLQTAHMMLKNLKSKMFKHSFG 674

 LGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIAS------ 731
|   ||| : :  || : : |   |:|||| :|:   || :  :|:   :
 FNYDDIMKRYENFVQKWK-QINSPKLYFVAMDIEKCYDNVDCERVVNFLQKSDLMDK 733

------IIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQET 783
      ::| :|   | |    :     : |  |:  :       | : : :
 ILNTFVLKRKNNIIVERSNFRKLPIKQYFRYKFQK-IGIDGSSYPTLFEILEDEFND 792

 RDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCS 843
::  :::||        : |    |:   :: |    | | | :|||||  :| :| |
 KRTIIVEQEQRKKFPKNDLLQPVLKICQNNYVTFNKKQYKQMKGIPQGLCVSYILSS 852

 GDMENKLFAGIRRD---------GLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEY 894
| ::|      :|::          ||:|| ||:||:|    :|  |:  | :
 ANLEENALQFLRKESMDPEKPEINLLMRLTDDYLLMTTEKNNAMLFIEKLYQLSLGN 912

 VNLRKTVVNFPVEDEALGGTAFVQ---MPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYAR 951
  :::|   || :  : :| |   |        || | |: :| :|| :  :  :  :
 FHMKKLKTNFALNLQKIGCTNTTQDIDSINDDLFHWIGISIDIKTLNIIQNI-NIKK 971

 RASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYR 1011
|  :|  |          :|      :   | :    :|: |     : |: :  | :
 LCTLNVNMQTNESILWLKKKLKSFLMNNISFYFKSTINTKQFANITLSKLYIAAAEK 1031

 CVLQLP-FHQ 1023
||  :   ||:
 CCQEFKRFHE 1044



    STANDARD;      PRT;  1117 AA.

 (Rel. 39, Created)
 (Rel. 39, Last sequence update)
 (Rel. 39, Last annotation update)
 everse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase catalytic
 lomerase subunit P133).

 thermophila.
 lveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
 a; Tetrahymena.
 911;

 M N.A.

 7940; PubMed=9671703;
 Sperger J.M., Chapman K.B., Cech T.R.;
 reverse transcriptase genes identified in Tetrahymena
 and Oxytricha trifallax.";
 Acad. Sci. U.S.A. 95:8479-8484(1998).

 M N.A.
 7941; PubMed=9671704;
 Gandhi L.;
 transcriptase component of the Tetrahymena telomerase
 otein complex.";
 Acad. Sci. U.S.A. 95:8485-8490(1998).
 : Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential for
 ication of chromosome termini in most eukaryotes. It
 s telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
 equence repeats to chromosome ends by copying a template
 within the RNA component of the enzyme.
 LAR LOCATION: Nuclear.
 TY: Belongs to the reverse transcriptase family.
 se subfamily.
-------------------------------------------------------------
 ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
```

```
CC   the European Bioinformatics Institute.  There are no  restricti
CC   use  by  non-profit  institutions as long  as its content  is
CC   modified and this statement is not removed.  Usage  by  and for
CC   entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.c
CC   or send an email to license@isb-sib.ch).
CC   ---------------------------------------------------------------
DR   EMBL; AF062652; AAC39135.1; -.
DR   EMBL; AF061284; AAC39140.1; -.
DR   PIR; T14891; T14891.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 2.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   Transferase; RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear pro
KW   DNA-binding.
SQ   SEQUENCE   1117 AA;  133317 MW;  E5AF15E86B0F0CD8 CRC64;

  Query Match             6.1%;  Score 363;  DB 1;  Length 1117;
  Best Local Similarity   20.2%;  Pred. No. 2e-15;
  Matches  193;  Conservative  160;  Mismatches  368;  Indels  234;

Qy        322 PPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGT
              | |: ::  | ||     :::  |    ::  | | :      |: |    |
Db        239 PGVF-KSSFFNYS-----EIKKGFQFKVIQEKLQGRQ------FINSDKIKPDH

Qy        382 --LPQRY-------WQMRPLFLE----LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPA
                | : |        : | ||||    :: |     :  |||  | |
Db        287 KTLLKEYQSKNFSCQEERDLFLEFTEKIVQNFHNINFNYLLKKFCKL-------

Qy        429 EKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHS-------------------SPWQVYG
                       ||   :   :: |:::  :                   |  |:
Db        334 ---------PENYQSLKSQVKQIVQSENKANQQSCENLFNSLYDTEISYKQITN

Qy        470 RRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRS
              :  ||  | | : | : ||    :|: : :     : :    | | |  |
Db        385 QNCVPNQLLGKK-NFKVFLEKLYEFVQMKRFENQKVLDYICFMDVFDVEWF---

Qy        530 PAAEHRL---------REEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLF
                   :          : :||   : ::::  |: :||  ||:||   : :::|
Db        436 DLKNQKFTQKRKYISDKRKILGDLIVFIINKIVIPVLRYNFYITEKHKEGSQIF

Qy        581 W---SKLQSIGI-RQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGL
              |   |||  : :  ::|::|: : : |   ::: :        :|| |||
Db        496 WKLVSKLTIVKLEEENLEKVEEKLIPEDSFQKYPQ-------GKLRIIPKKGSF

Qy        637 DYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFS----VLNYERARRPGLLGASVLGLDDI
                     || |: : : :   :  :      |    :      :| ||     |
Db        547 -------TFLRKDKQKNIKLNLNQILMDSQLVFRNLKDMLGQKIGYSVFDNKQI

Qy        693 FVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAV
              |: : : :   |:||:| :|:   ||:| | :|          |:|| : :| :
Db        600 FIEKWKNKG-RPQLYYVTLDIKKCYDSIDQMKLLNFFNQSDLIQDTYFINKYLL

Qy        753 GHVRKAFKSHVSTLTDLQ----------------PYM-----RQFVAHLQE---
                ::    :::::  :::                ||       ||     | :
Db        659 PLLQIQQTNNLNSAMEIEEEKINKKPFKMDNINFPYYFNLKERQIAYSLYDDDD

Qy        783 ----TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIP
                  |  |  :|| |              : :        :: :     : | :||||
Db        719 FKEIQSDDRPFIVINQDKPRCITKDIIHNHLKHISQYNVISFNKVKFRQKRGIP

Qy        839 TLLCSLCYGDMENKLFAGIRRD-------GLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLR
               :|||  :| :| :     ::              ||:|| ||:| ::    :|    :
Db        779 GVLCSFYFGKLEEEYTQFLKNAEQVNGSINLLMRLTDDYLFISDSQQNALNLIV

Qy        892 PEYGCVVNLRKTVVN--FPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQ
                 | : | :|    |   || ||   |         ::         | |  :|  |||::
Db        839 NNNGFMFNDQKITTNFQFPQEDYNL---EHFKISVQNECQWIGKSIDMNTLEIK-

Qy        950 ARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDL-------QVNSLQT
               :|    : | |          :|:: :|    ||     ||||:              :||  : :
Db        893 KQTQQEINQTINVAISI-KNLKSQLKNKLR----SLFLNQLIDYFNPNINSFEG
```

```
KILLLQAYRFHACVLQL------PFHQQVWK---NPTFFLRVISDTAS-----LCY- 1044
|  ::: | |   : |:       :  |  |   |  |   ::  |       |||
KATVMKFYPFMTKLFQIDLKKSKQYSVQYGKENTNENFLKDILYYTVEDVCKILCYL 1007

------------------------SILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQA 1077
                        | || |        ||    |
DEINSNIKEIFKNLYSWIMWDIIVSYLKKKKQ-----FKGYLNKL------------ 1050

KLTRHRVTYVPL-LGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTIL 1131
|: : |  |:     ||:   :|   :|    | |:|      |  | ||::
KIRKSRFFYLKEGCKSLQLILSQQKYQLNKKELEAIEFIDLNNLIQDIKTLI 1104



   STANDARD;      PRT;   884 AA.

(Rel. 39, Created)
(Rel. 39, Last sequence update)
(Rel. 42, Last annotation update)
everse transcriptase (EC 2.7.7.-) (Telomerase catalytic

18W OR L8543.12.
s cerevisiae (Baker's yeast).
ungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
tales; Saccharomycetaceae; Saccharomyces.
932;

M N.A.
 / AB972;
3267; PubMed=9169871;
 Hillier L., Riles L., Albermann K., Andre B., Ansorge W.,
ieckner M., Delius H., Dubois E., Duesterhoeft A.,
, Floeth M., Goffeau A., Hebling U., Heumann K.,
l D., Hilbert H., Hilger F., Kleine K., Koetter P.,
Messenguy F., Mewes H.-W., Miosga T., Moestl D.,
 S., Nentwich U., Obermaier B., Piravandi E., Pohl T.M.,
., Purnelle B., Rechmann S., Rieger M., Rinke M., Rose M.,
Scherens B., Scholler P., Schwager C., Schwarz S.,
P., Urrestarazu L.A., Vandenbol M., Verhasselt P.,
F., Voet M., Volckaert G., Voss H., Wambutt R., Wedler E.,
immermann F.K., Zollner A., Hani J., Hoheisel J.D.;
ide sequence of Saccharomyces cerevisiae chromosome XII.";
7-90(1997).

TION.
1210; PubMed=9110970;
Hughes T.R., Shevchenko A., Mann M., Lundblad V.,

nscriptase motifs in the catalytic subunit of
.
561-567(1997).
 Telomerase is a ribonucleoprotein enzyme essential for
.cation of chromosome termini in most eukaryotes. It
s telomeres. It is a reverse transcriptase that adds
equence repeats to chromosome ends by copying a template
 within the RNA component of the enzyme.
AR LOCATION: Nuclear.
NEOUS: DELETION CAUSES TELOMERE SHORTENING AND SENESCENCE.
Y: Belongs to the reverse transcriptase family.
e subfamily.
-------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
iires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
nail to license@isb-sib.ch).
-------------------------------------------------------------
 AAB64520.1; -.
S53396.
.42382; -.
```

```
DR   SGD; S0004310; EST2.
DR   GO; GO:0005730; C:nucleolus; IDA.
DR   GO; GO:0005697; C:telomerase holoenzyme complex; IDA.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 1.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   Transferase; RNA-directed DNA polymerase; Telomere; Nuclear prot
KW   DNA-binding.
SQ   SEQUENCE   884 AA;  102663 MW;  788334BB49592340 CRC64;

  Query Match             6.0%;  Score 356.5;  DB 1;  Length 884;
  Best Local Similarity   22.1%;  Pred. No. 3.8e-15;
  Matches  167;  Conservative  127;  Mismatches  309;  Indels  151;

Qy        329 KHFLYSSGDKEQLRPS--FLLSSLRPSLTGARRLV---ETIFLGSRPWMPGTPR
              | ||:    |  :  |  |  | : || :  ::|    | ||          |
Db        185 KQFLH----KLNINSSSFFPYSKILPSSSSIKKLTDLREAIF----------PT

Qy        384 QRYWQMRPLFLE-LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVA
              ||      | |: ||  | :  |  :| : ||      |  |
Db        231 QRLKVRINLTLQKLLKRHKRLNYVSILNSICP------PLEGTVL---------

Qy        443 TDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFIS
                   |  | || |   :|  |:   |::|:|  ::||: |: : ::|    :||
Db        270 ----DLSHLSRQ-SPKERVLKFIIVILQKLLPQEMFGSKKNKGKIIKNLNLLLS

Qy        503 LSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLR--EEILAKFLHWLMSVYVV
              |    |  |: ::|  ||     :  :   :|      ::  |: ||     : :
Db        325 LPFDSLLKKLRLKDFRWL----FISDIWFTKHNFENLNQLAICFISWLFRQLIP

Qy        561 FYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEV-RQHREAR
              || || :     : ::|   |:|| :  | :: |      | |  | | |
Db        381 FYCTEIS-STVTIVYFRHDTWNKLITPFIVEYFKTY----LVENNVCRNHNSYT

Qy        619 SRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVV------GARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLN
              |::| |||        | :: :      ||         |   : ::    :| |
Db        436 SKMRIIPKKS------NNEFRIIAIPCRGADEEEFTIYKENHKNAIQPTQKILE

Qy        673 PGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRV--RAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDR
              |      :     |    : |  |:  :  :  |||||:| ||   ||:||:
Db        490 PTSF-TKIYSPTQIADRIKEFKQRLLKKFNNVLPELYFMKFDVKSCYDSIPRME

Qy        731 SIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETS
                :| :| : ||         :  | | | : |:     :||
Db        549 DALKNENGFFVRSQYFFN--TNTGVLKLF-NVVNASRVPKPY------------

Qy        791 VIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSL
               |:   ::: ::  : :|    :   |: :  | |::  |: ||| ||  :  |
Db        590 YIDNVRTVHLSNQDVINVVEMEIFKTALWVEDKCYIREDGLFQGSSLSAPIVDL

Qy        850 --ENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLR
                 ::  |   :| |:|:| ||||:::          :  : |  :|    |  |
Db        650 EFYSEFKASPSQDTLILKLADDFLIISTDQQQVINIKKLAMGGFQKYNAKANRD

Qy        907 FPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF
                 :|:              :  :| : :  : |||    |:     ||:
Db        710 SQSDDDT-------------VIQFCAMHIFVKELEVWKHSSTMNNFHIRS----

Qy        967 GRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNI----------YK-------I
               : : | |  :   :     :|  :||  ||   |          ||       |
Db        749 SKGIFRSLIALFNTRISYKTIDTNLNSTNTVLMQIDHVVKNISECYKSAFKDLSI

Qy       1010 YRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLC 1043
               :||                :|  |:|  | | |
Db        809 MQFH----------------SFLQRIIEMTVSGC 826

RESULT 8
MY15_HUMAN
ID   MY15_HUMAN     STANDARD;      PRT;  3530 AA.
AC   Q9UKN7;
DT   16-OCT-2001 (Rel. 40, Created)
```

```
(Rel. 40, Last sequence update)
(Rel. 43, Last annotation update)
nconventional myosin-15).
O15.
 (Human).
etazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
theria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
606;

M N.A., SUBCELLULAR LOCATION, AND TISSUE SPECIFICITY.
1762; PubMed=10552926;
ng A., Belyantseva I.A., Anderson D.W., Probst F.J.,
 Miller W., Touchman J.W., Jin L., Sullivan S.L.,
, Camper S.A., Lloyd R.V., Kachar B., Friedman T.B.,
;
ation of the human and mouse unconventional myosin XV
sible for hereditary deafness DFNB3 and shaker 2.";
243-258(1999).

ENCE FROM N.A., AND VARIANTS DFNB3 TYR-2111 AND PHE-2113.
7311; PubMed=9603736;
ng Y., Fridell R.A., Probst F.J., Wilcox E.R.,
., Morton C.C., Morell R.J., Noben-Trauth K., Camper S.A.,
.;
 of unconventional myosin MYO15 mutations with human
 deafness DFNB3.";
1447-1451(1998).
: Myosins are actin-based motor molecules with ATPase
. Unconventional myosins serve in intracellular movements.
ghly divergent tails are presumed to bind to membranous
ents, which would be moved relative to actin filaments (By
ty). May play a role in the formation or maintenance of
n-rich structures of the inner ear sensory hair cells.
LAR LOCATION: Cytoplasmic.
PECIFICITY: Highly expressed in pituitary. Also expressed
 levels in adult brain, kidney, liver, lung, pancreas,
 and skeletal muscle. Not expressed in brain. In the
y, highly expressed in anterior gland cells.
 Defects in MYO15A are the cause of autosomal recessive
omic deafness type 3 (DFNB3) [MIM:600316].
TY: Contains 1 myosin-like globular head domain.
TY: Contains 1 FERM domain.
TY: Contains 3 IQ domains.
TY: Contains 1 MyTH4 domain.
TY: Contains 1 SH3 domain.
------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
------------------------------------------------------------
94; AAF05903.1; -.
76; -; NOT_ANNOTATED_CDS.
 A59266.
; 1BR2.
7594; MYO15A.
 -.
 -.
05; P:hearing; TAS.
R000299; Band_4.1.
R000048; IQ_region.
R001609; myosin_head.
R000857; MyTH4.
R001452; SH3.
2; IQ; 3.
3; myosin_head; 1.
4; MyTH4; 2.
193; MYOSINHEAVY.
0355; myosin_head; 1.
95; B41; 1.
```

```
DR   SMART; SM00015; IQ; 3.
DR   SMART; SM00242; MYSc; 1.
DR   SMART; SM00139; MyTH4; 2.
DR   SMART; SM00326; SH3; 1.
DR   PROSITE; PS00660; FERM_1; FALSE_NEG.
DR   PROSITE; PS00661; FERM_2; FALSE_NEG.
DR   PROSITE; PS50057; FERM_3; 1.
DR   PROSITE; PS50096; IQ; 3.
DR   PROSITE; PS50002; SH3; FALSE_NEG.
KW   Myosin; ATP-binding; Actin-binding; Coiled coil; Repeat; SH3 don
KW   Calmodulin-binding; Disease mutation; Deafness.
FT   DOMAIN        1   1887       MYOSIN HEAD-LIKE.
FT   DOMAIN     1888   2029       NECK OR REGULATORY DOMAIN.
FT   DOMAIN     2030   3530       TAIL.
FT   DOMAIN     1323   1350       COILED COIL (POTENTIAL).
FT   DOMAIN     1792   1799       ACTIN-BINDING (POTENTIAL).
FT   DOMAIN     1902   1924       IQ 1.
FT   DOMAIN     1925   1954       IQ 2.
FT   DOMAIN     1955   1976       IQ 3.
FT   DOMAIN     2867   2953       SH3.
FT   DOMAIN     3209   3530       FERM.
FT   NP_BIND    1315   1322       ATP (POTENTIAL).
FT   VARIANT    2111   2111       N -> Y (in DFNB3; family from Bengk
FT                                /FTId=VAR_010303.
FT   VARIANT    2113   2113       I -> F (in DFNB3; Indian family).
FT                                /FTId=VAR_010304.
SQ   SEQUENCE   3530 AA;  395171 MW;  3D103923D4BCBE4A CRC64;

  Query Match              3.0%;  Score 176.5;  DB 1;  Length 3530;
  Best Local Similarity   20.6%;  Pred. No. 0.0068;
  Matches  263;  Conservative  144;  Mismatches  392;  Indels  475;

Qy        107 ARGGPPEAFTTS------------VRSYLP----------------NTVTDALRG
              :||||   |  |            :  ::|                |  |:| ||
Db       2313 SRGGPKVVFGNSWDSDEDMSTRPQPQEHMPKVLDSDGYSSHNQDGTNGETEAQRG

Qy        139 LLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAP-------------SCAYQVCGPPLYQLGA
                   :|:  : |    | |  |  |             : ||:: |      |:
Db       2372 QESDSLGEPAVPHKGLDCYLDSLFDPVLSYGDADLEKPTAIAYRMKGGGQPGGGS

Qy        182 -TQARPP---PHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGV---PLGLPAPGARRRGGSAS
               |  |||   |        |  ::|: |  ::| :    : | |   :::  ||:
Db       2432 DTPRRPPEPKPIPGLDASTLALQQAFIH--KQAVLLARGMTLQATALQQQPLSAA

Qy        234 LPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGA
                | |    ||| : | || |  | |   |           |  ||
Db       2490 AEKPP----APEAQPTSVGTGPPAKPVLLR-------ATPKPLAPA---------

Qy        294 HSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYA------ETKHFLYSSGDKEQLR
                            |    |  |      || |      ||     :|   | :|
Db       2525 --------------PLAKAPRLPIKPVAAPVLAQDQASPET-----TSPSPELVR

Qy        348 SSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRP-------LFLE
              |   |  |  :::   :    :|:  | |  | :   : :  ||       : |:
Db       2566 SEHFPQPT--QQIKNIVRQYQQPFRGGRPEALRKDGGKVFMKRPDPHEEALMILK

Qy        401 AQCPYG--------VLLK--THCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEE-EDTD
                   |         |:|  |  | | :: |: :     |   |:  |||   |
Db       2624 LAAAPGTQVSREAVALVKPVTSAP-RPSMAPTSAL-----PSRSLEPPEELTQTR

Qy        450 --QLLRQHSSPWQVYGFVR------------------------------ACLR--
                       :||::  |:|                              ||||
Db       2678 NPNFYGYQDAPWKI--FLRKEVFYPKDSYSHPVQLDLLFRQILHDTLSEACLRIS

Qy        473 VPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLG-KHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGV
                  |:         |   |  ::   | | :|    ||::      : |  |
Db       2736 RMKALFAQNQ-----LDTQKPLVTESVKRAVVSTARDTWEV-----YFSRIFPAT

Qy        532 AEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLR------------------SFFYVTETTF
                     ::||      :|  ::|||                   ||  :   |
Db       2786 G-----VQLLA------VSHVGIKLLRMVKGGQEAGGQLRVLRAYSFADILFVTM

Qy        573 LFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKP
```

```
   |   |:     | |    |:: | :  : : ::
NLAS--EKVILFSARAH----QVKTLVDDFILELKK-------------------- 2867

MDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERA-------RRPGLLGAS------ 679
 ||||  | |  |  |            :| : :          |  :| |
SDYVVAVRNFLPEDPA------------LLAFHKGDIIHLQPLEPPRVGYSAGCVVR 2913

LGLDDIHR-----AWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYD-----TIP-QDRLT 726
: |::: |      ||   :  |    | ||    |    | |     | | : |
VYLEELRRRGPDFGWRFGTIHGRVGRFPSEL----VQPAAAPDFLQLPTEPGRGRAA 2969

ASIIKPQNTYCVRRY-----AVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQ 781
|::        | |         : | ||    |   : : |   | | |      |
AAVASAAAAQEVGRRREGPPVRARSADHGEDALALPPY-TMLEFAQKYFRDPQRRPQ 3028

--------------------TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVR 819
                     :||:::::    |||:: :: :|   :|||    ::
RLKSKEPRESRTLEDMLCFTKTPLQESLIELSDSSLSKMATDMFLAVMRFMGDAPLK 3088

KSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGD---MENKLFAGI---------------RRDG 861
   | |            |  || ||   | :: :  :               :|
DLDVLCN-----------LLKLC-GDHEVMRDECYCQVVKQITDNTSSKQDSCQRGW 3136

RLVDDF----LLVTPHLTHAKTFLRTLVR--GVPEYG----CVVNLRKTVVNFPVED 911
 :|  :     :: ||||    ||: : |  |:|  |    |  ||:||:
YIVTAYHSCSEVLHPHLTR---FLQDVSRTPGLPFQGIAKACEQNLQKTL------- 3186

GGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMR 971
||                       ||: |         :|| |       |||: :
GG----------------------RLELPSS------IELRAML-------AGRSSK 3210

F----GV---LRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCT----------NIYKILLLQAYRFHA 1014
|    |:   |::|  :: ||:    :: :|           | | | ::     |
FLLPGGLERHLKIKTCTVALDV----VEEICAEMALTRPEAFNEYVIFVVTNRGQHV 3266

--------------------QLPFHQQVWKNPTFF----------LRVISDTASLCY 1044
                     | | : :|  |  |           :|: |     :
SRRAYILDVASEMEQVDGGYMLWFRRVLWDQPLKFENELYVTMHYNQVLPDYLKGLF 3326

KAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVT---YVPLLGSLRTAQ- 1100
 |                |||    |  |   |   :||     |:|   |:|  |
PASR--------------PSEQ---LLQQVSKLASLQHRAKDHFYLP---SVREVQE 3366

TQLSRKLPGTT 1111
 || |   |:|
AQLYRTTAGST 3380



     STANDARD;      PRT;    660 AA.

(Rel. 01, Created)
(Rel. 01, Last sequence update)
(Rel. 36, Last annotation update)
 BHLF1 protein.
 virus (strain B95-8) (Human herpesvirus 4).
NA viruses, no RNA stage; Herpesviridae;
irinae; Lymphocryptovirus.
0377;

M N.A.
0667; PubMed=6087149;
kier A.T., Biggin M.D., Deininger P.L., Farrell P.J.,
 Hatfull G., Hudson G.S., Satchwell S.C., Seguin C.,
., Barrell B.G.;
e and expression of the B95-8 Epstein-Barr virus genome.";
07-211(1984).
---------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions  on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
```

```
CC   modified and this statement is not removed.  Usage  by  and for
CC   entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.c
CC   or send an email to license@isb-sib.ch).
CC   -----------------------------------------------------------------
DR   EMBL; V01555; -; NOT_ANNOTATED_CDS.
DR   PIR; A03742; QQBE3.
KW   Hypothetical protein; Early protein; Repeat.
FT   DOMAIN      149    648       4 X 125 AA TANDEM REPEATS.
FT   REPEAT      149    273       1.
FT   REPEAT      274    398       2.
FT   REPEAT      399    523       3.
FT   REPEAT      524    648       4.
SQ   SEQUENCE   660 AA;  66244 MW;  86DA1D67A37152A2 CRC64;

  Query Match             2.9%;  Score 172.5;  DB 1;  Length 660;
  Best Local Similarity   26.1%;  Pred. No. 0.0014;
  Matches   94;  Conservative   16;  Mismatches  159;  Indels   91;

Qy        167 AYQVC--GPPLYQLGAATQA--RPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGL
              | | |  |||  : ||| |   | ||      |  || | |    | :|   |
Db        244 AAQRCPAGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPGCPRTWR---RRSGAQRGH

Qy        223 RRGGSASRSLP-LPKRPRRGAAPEP-ERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCV-V
              :|    :   |  |  |   ||| |     |  |:  || |  ||:|      :
Db        301 QRPSGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSGATPHPERGSGPADPPAAARL

Qy        278 -------------PAEEATSLEGAL---------------------------SG
                           ||    :  ||                            ||
Db        361 PRLPQDLAAAQRCPAGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPGCPRTWRRRSG

Qy        298 SVGRQHHAGPPSTSRPPRPW--DTPCPP--------VYAETKHFLYSSGDKE---
                |       |:  ||  |    ||  |            | |    ||  :
Db        421 PPGAGQRPSGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSGATPHPERGSGPADPP

Qy        343 PSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPG-----TPRRLPRLPQ--------
              |      |   |  |:|       |  |   |     | || |  |:
Db        481 PERQEPRLPQDLAAAQRCP----AGPPPTRSGAAAQRTHRRPPGCPRSARNPGCP

Qy        390 RPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL--RAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEE
              |             | |   :   |   | |   | |  |   | |  | |
Db        537 RS-----GAQRGHPPPGAGQRPSGPTGGRPAAPGAPGTPAAPGPGGGAAVPSGA

RESULT 10
SF01_MOUSE
ID   SF01_MOUSE     STANDARD;      PRT;   653 AA.
AC   Q64213; O08817; P70167; Q61454; Q921Z4;
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Created)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last sequence update)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last annotation update)
DE   Splicing factor 1 (Zinc finger protein 162) (Transcription facto
DE   ZFM1) (mZFM) (Zinc finger gene in MEN1 locus) (Mammalian branch
DE   binding protein mBBP) (BBP) (CW17).
GN   SF1 OR ZFP162 OR ZFM1.
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mu
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A. (ISOFORMS CW17 AND CW17E).
RC   STRAIN=C57BL/10; TISSUE=Spleen;
RX   MEDLINE=97355688; PubMed=9212169;
RA   Wrehlke C., Schmitt-Wrede H.-P., Qiao Z.D., Wunderlich F.;
RT   "Enhanced expression in spleen macrophages of the mouse homolog
RT   human putative tumor suppressor gene ZFM1.";
RL   DNA Cell Biol. 16:761-767(1997).
RN   [2]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   STRAIN=C57B1/10;
RX   MEDLINE=99287587; PubMed=10360842;
RA   Wrehlke C., Wiedemeyer W.-R., Schmitt-Wrede H.-P., Mincheva A.,
RA   Lichter P., Wunderlich F.;
RT   "Genomic organization of mouse gene zfp162 (mzfm).";
```

```
l. 18:419-428(1999).

M N.A. (ISOFORMS CW17E AND 3).
e; TISSUE=Breast tumor, and Osteoblast;
8257; PubMed=12477932;
.L., Feingold E.A., Grouse L.H., Derge J.G.,
., Collins F.S., Wagner L., Shenmen C.M., Schuler G.D.,
., Zeeberg B., Buetow K.H., Schaefer C.F., Bhat N.K.,
, Jordan H., Moore T., Max S.I., Wang J., Hsieh F.,
., Marusina K., Farmer A.A., Rubin G.M., Hong L.,
, Soares M.B., Bonaldo M.F., Casavant T.L., Scheetz T.E.,
.J., Usdin T.B., Toshiyuki S., Carninci P., Prange C.,
oquellano N.A., Peters G.J., Abramson R.D., Mullahy S.J.,
McEwan P.J., McKernan K.J., Malek J.A., Gunaratne P.H.,
 Worley K.C., Hale S., Garcia A.M., Gay L.J., Hulyk S.W.,
., Muzny D.M., Sodergren E.J., Lu X., Gibbs R.A.,
lton E., Ketteman M., Madan A., Rodrigues S., Sanchez A.,
Madan A., Young A.C., Shevchenko Y., Bouffard G.G.,
N., Touchman J.W., Green E.D., Dickson M.C.,
C., Grimwood J., Schmutz J., Myers R.M.,
Y.S.N., Krzywinski M.I., Skalska U., Smailus D.E.,
 Schein J.E., Jones S.J.M., Marra M.A.;
and initial analysis of more than 15,000 full-length
use cDNA sequences.";
Acad. Sci. U.S.A. 99:16899-16903(2002).
: Necessary for the ATP-dependent first step of
ome assembly. Binds to the intron branch point sequence
-UACUAAC-3' of the pre-mRNA. May act as transcription
r (By similarity).
 Binds U2AF2. Interacts with U1 snRNA. Binds EWSR1, FUS
5 (By similarity).
LAR LOCATION: Nuclear.
IVE PRODUCTS:
ternative splicing; Named isoforms=3;
7;
Q64213-1; Sequence=Displayed;
7E;
Q64213-2; Sequence=VSP_050424;

Q64213-3; Sequence=VSP_008840;
o experimental confirmation available;
PECIFICITY: Detected at intermediate levels in spleen.
vels in heart, kidney, brain, liver, testis, bone marrow,
gland, lymph nodes, pancreas and thymus.
sphorylation on Ser-20 interferes with U2AF2 binding and
ome assembly (By similarity).
TY: Contains 1 CCHC-type zinc finger.
TY: Contains 1 KH domain.
-------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
-------------------------------------------------------------
; CAA56440.1; -.
; CAA59797.1; -.
; CAA70113.1; -.
; CAA73359.1; -.
91; AAH09091.1; -.
70; AAH55370.1; -.
5403; Zfp162.
R004087; KH_dom.
R004088; KH_type_1.
R001878; Znf_CCHC.
3; KH; 1.
8; zf-CCHC; 1.
939; C2HCZNFINGER.
22; KH; 1.
43; ZnF_C2HC; 1.
0084; KH_TYPE_1; 1.
```

```
DR   PROSITE; PS50158; ZF_CCHC; 1.
KW   mRNA processing; mRNA splicing; Transcription regulation; Repres
KW   Nuclear protein; Spliceosome; RNA-binding; Metal-binding; Zinc;
KW   Zinc-finger; Phosphorylation; Alternative splicing.
FT   DOMAIN       15     19       NUCLEAR LOCALIZATION SIGNAL (POTENT
FT   DOMAIN      141    222       KH.
FT   ZN_FING     277    296       CCHC-TYPE.
FT   DOMAIN      324    585       PRO-RICH.
FT   MOD_RES      20     20       PHOSPHORYLATION (by PKG) (BY SIMILA
FT   VARSPLIC    529    653       TTTTTTSAGTGSIPPWQQQQAAAAASPGTPQMQGN
FT                                PPGVQPPLPPGAPPPPTCSIECLLCLLSSPNSLCL
FT                                RIPPRGSDGPSHESEDFPRPLVTLPGRQPQQRPWW
FT                                AA -> SLPAAAMARAMRVRTFRAHW (in isof
FT                                CW17E).
FT                                /FTId=VSP_050424.
FT   VARSPLIC    586    653       TCSIECLLCLLSSPNSLCLSPNRAARIPPRGSDGP
FT                                FPRPLVTLPGRQPQQRPWWTGWFGKAA -> PPPP
FT                                MYAPPPPPPPPMDPSNFVTMMGMGVAGMPPFGMPP
FT                                PQN (in isoform 3).
FT                                /FTId=VSP_008840.
FT   CONFLICT    184    184       E -> K (IN REF. 3).
FT   CONFLICT    509    509       P -> S (IN REF. 3; AAH55370).
FT   CONFLICT    524    524       P -> L (IN REF. 3; AAH09091).
FT   CONFLICT    528    528       N -> R (IN REF. 1).
SQ   SEQUENCE   653 AA;  70408 MW;  8228DE3E79AB1BFC CRC64;

  Query Match             2.5%;  Score 150.5;  DB 1;  Length 653;
  Best Local Similarity   22.5%;  Pred. No. 0.036;
  Matches   81;  Conservative   26;  Mismatches  148;  Indels  105;

Qy        163 APSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVR------EAG
              ||  |     ||   | : ||:|||   |||      |    | :         |
Db        343 APRPAAPASNPPPPSLMSTTQSRPPWMNSGP-----SENRPYHGMHGGGPGGPGG

Qy        217 PAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRRGAAP--EPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRG
              | |     ||      |:   |     |  :|   |: ||   ||    ||
Db        398 PHPLPSLTGGHGGH--PMQHNPNGPPPPWMQPPPPPMNQG--PHPPGHHGPP---

Qy        275 PARPAEEATSLEGALSGTRHSH--------PSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPC
                 | ::        ||    |        | :|      || : :|| |   |
Db        446 ---PMDQYLGSTPVGSGVYRLHQGKGMMPPPPMGMMPPPPPPPSGQPPPPPSGPL

Qy        327 ETKHFLYSSGDKEQLR------PSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGS---RPWM
                         ::| :      ||  ::|  |          |   |:    ||
Db        500 ---------WQQQQQQPPPPPPPSSSMASSTPLPWQQNTTTTTTSAGTGSIPPWQ

Qy        373 ----PGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAA
                  ||||                  :: ||    |    ::   |  |   |
Db        551 AAASPGTP------------------QMQGNPTMVPLPPGVQPPLPPGAPPPPTC

Qy        426 ----------------CAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQL--LRQHSSPWQVY
                               ||  |:||     | :  || || |   :    ||
Db        593 LCLLSSPNSLCLSPNRAARIPPRGSDGPSHESEDFPRPLVTLPGRQPQQRPWWTG


RESULT 11
MBD6_HUMAN
ID   MBD6_HUMAN     STANDARD;      PRT;  1003 AA.
AC   Q96DN6; Q8N3M0; Q8NA81; Q96Q00;
DT   10-OCT-2003 (Rel. 42, Created)
DT   10-OCT-2003 (Rel. 42, Last sequence update)
DT   10-OCT-2003 (Rel. 42, Last annotation update)
DE   Methyl-CpG binding domain protein 6.
GN   MBD6 OR KIAA1887.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   TISSUE=Testis;
RA   Tashiro H., Yamazaki M., Watanabe K., Kumagai A., Itakura S.,
RA   Fukuzumi Y., Fujimori Y., Komiyama M., Sugiyama T., Irie R.,
RA     ato H., Wakamatsu A., Ishii S., Yamamoto J., Isono Y.,
RA     , Saito K., Nishikawa T., Kimura K., Yamashita H.,
RA     akamura Y., Sekine M., Kikuchi H., Kanda K., Wagatsuma M.,
RA      Kanehori K., Takahashi-Fujii A., Oshima A., Sugiyama A.,
RA      Suzuki Y., Sugano S., Nagahari K., Masuho Y., Nagai K.,
RA
RT     :DNA sequencing project.";
RL     JL-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
RN
RP     4 N.A.
RC     ;
RX     5161; PubMed=11572484;
RA     ikuno R., Ohara O.;
RT     of the coding sequences of unidentified human genes. XXI.
RT      sequences of 60 new cDNA clones from brain which code for
RT     ıs.";
RL     79-187(2001).
RN
RP     4 N.A.
RC     ıla;
RA     Heubner D., Mewes H.-W., Weil B., Wiemann S.;
RL     JL-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
CC     TY: Contains 1 methyl-binding (MBD) domain.
CC     -------------------------------------------------------------
CC     ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
CC      Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
CC      Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
CC     profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
CC      this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
CC     ıires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
CC     ıail to license@isb-sib.ch).
CC     -------------------------------------------------------------
DR     )9; BAB71176.1; -.
DR     78; BAC04045.1; -.
DR     74; BAB67780.1; -.
DR     10; CAD38908.1; -.
DR     :0445; MBD6.
DR     R001739; Methyl-CpG_bind.
DR     ); MBD; 1.
DR     )1; MBD; 1.
FT      17      61         MBD.
FT     .40     846         PRO-RICH.
FT     537     637         D -> G (IN REF. 1; BAB71176).
FT     302     802         Q -> QQ (IN REF. 1; BAC04045).
SQ     )03 AA;  101200 MW;  6C8E8693AA6A3BE6 CRC64;

                2.5%;  Score 147;  DB 1;  Length 1003;
       arity   23.1%;  Pred. No. 0.1;
       :onservative   32;  Mismatches  162;  Indels  182;  Gaps   23;

Qy     IYREVLPLATFVRRL-------------GPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
        |: : :||  | :                ||  :   |   |  |:
Db     IRRKAVAMATLYRSMETTCSHSSPGEGASPQMFHTVSPGPPS--------------- 144

Qy     ----PPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGG-PPEAF 115
           ||   |                                  |:|   |   |||
Db     PCRVPPTTP----------------------------------LNGGPGSLPPE-- 167

Qy     RSYLPNTVTDA---LRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCG 172
           |  :|: |     |  |  |  ||   |:  |  |               ||
Db     ----PPSVSQAFPTLAGPG--GLFPPRLADPV---------------PSGGSS--S 200

Qy     QLGAATQARPPPHASGPRRRLGC-ERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGS---- 227
         | |     |||     |    |         |   ::| : ||  |  :|  |      |
Db     PRGNAPSPAPPP---PPAISLNAPSYNWGAALRSSLVPSDLGSPPAPHASSSPPSD 257

Qy     ----ASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPA 279
           |      |||       |  |  |    |      :  |       ||      |   |   |
Db     HCSDALTPPPLPPSNNLPAHPGPASQPPVSSATMHLPLVLGPLGGAPTVEGPGAPP 317

Qy     SLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKE 339
        ||  |      :   || :          |||| :  ||                       :
Db     SLLSA--AAKAQHPPL------PPPSTLQGRRP-------------------RA 348
```

```
Qy          340 QLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRR-LPR----------LP
                |    :     ||||||      ||    |:|          | ||||   ||          ||
Db          349 QAPSASHSSSLRPSQRRPRR-PPTVFRLLEGRGPQTPRRSRPRAPAPVPQPFSLP

Qy          389 MRPLFLELLG------NHAQCPYGVL-LKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVA
                : |   |  |||         :|:    : :|      | |        |   :  :    ||
Db          408 ILPSVLSLLGLPTPGPSHSDGSFNLLGSDAHLP------PPPTLSSGSPPQ----

Qy          442 DTDPRRLVQ 450
                   ||  :|
Db          453 ---PRHPIQ 458

RESULT 12
MY15_MOUSE
ID   MY15_MOUSE     STANDARD;      PRT;  3511 AA.
AC   Q9QZZ4; O70395; Q9QWL6;
DT   16-OCT-2001 (Rel. 40, Created)
DT   16-OCT-2001 (Rel. 40, Last sequence update)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last annotation update)
DE   Myosin XV (Unconventional myosin-15).
GN   MYO15A OR MYO15.
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mu
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A., AND TISSUE SPECIFICITY.
RX   MEDLINE=20021762; PubMed=10552926;
RA   Liang Y., Wang A., Belyantseva I.A., Anderson D.W., Probst F.J.,
RA   Barber T.D., Miller W., Touchman J.W., Jin L., Sullivan S.L.,
RA   Sellers J.R., Camper S.A., Lloyd R.V., Kachar B., Friedman T.B.,
RA   Fridell R.A.;
RT   "Characterization of the human and mouse unconventional myosin X
RT   genes responsible for hereditary deafness DFNB3 and shaker 2.";
RL   Genomics 61:243-258(1999).
RN   [2]
RP   SEQUENCE OF 1168-2970 FROM N.A., AND VARIANT SH2 TYR-1779.
RC   TISSUE=Embryo;
RX   MEDLINE=98267310; PubMed=9603735;
RA   Probst F.J., Fridell R.A., Raphael Y., Saunders T.L., Wang A.,
RA   Liang Y., Morell R.J., Touchman J.W., Lyons R.H., Noben-Trauth K
RA   Friedman T.B., Camper S.A.;
RT   "Correction of deafness in shaker-2 mice by an unconventional my
RT   in a BAC transgene.";
RL   Science 280:1444-1447(1998).
RN   [3]
RP   SEQUENCE OF 1237-1823 FROM N.A., AND VARIANT SH2 TYR-1779.
RC   STRAIN=C57BL/6;
RX   MEDLINE=98369604; PubMed=9703981;
RA   Wakabayashi Y., Takahashi Y., Kikkawa Y., Okano H., Mishima Y.,
RA   Ushiki T., Yonekawa H., Kominami R.;
RT   "A novel type of myosin encoded by the mouse deafness gene shake
RL   Biochem. Biophys. Res. Commun. 248:655-659(1998).
CC   -!- FUNCTION: Myosins are actin-based motor molecules with ATPas
CC       activity. Unconventional myosins serve in intracellular move
CC       Their highly divergent tails are presumed to bind to membran
CC       compartments, which would be moved relative to actin filamen
CC       similarity). May play a role in the formation or maintenance
CC       the actin-rich structures of the inner ear sensory hair cell
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic (By similarity).
CC   -!- TISSUE SPECIFICITY: In the developing inner ear, expressed i
CC       cochlea and vestibular apparatus. Expression appears to be
CC       restricted to cochlear neurosensory cells and upper epitheli
CC       layer of macula saccula. Also expressed in macula utriculi a
CC       cristae ampullaris of the semicircular canals. In adult coch
CC       hair cells, highest expression in stereocilia and apical bod
CC   -!- DISEASE: Defects in MYO15A are the cause of shaker-2 (sh-2),
CC       condition causing deafness, circling behavior, head tossing
CC       hyperactivity. Auditory hair cells of affected animals have
CC       short stereocilia and a long actin-containing protrusion at
CC       basal end.
```

```
TY: Contains 1 myosin-like globular head domain.
TY: Contains 1 FERM domain.
TY: Contains 2 IQ domains.
TY: Contains 1 MyTH4 domain.
TY: Contains 1 SH3 domain.
------------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
------------------------------------------------------------
95; AAF05904.1; -.
30; AAC40124.1; -.
10; BAA36582.1; -.
 A59295.
 T42386.
; 1BR2.
1811; Myo15.
R000299; Band_4.1.
R000048; IQ_region.
R001609; myosin_head.
R000857; MyTH4.
R001452; SH3.
2; IQ; 2.
3; myosin_head; 1.
4; MyTH4; 2.
193; MYOSINHEAVY.
0355; myosin_head; 1.
95; B41; 1.
15; IQ; 2.
42; MYSc; 1.
39; MyTH4; 2.
26; SH3; 1.
0096; IQ; 2.
0002; SH3; 1.
0660; FERM_1; FALSE_NEG.
0661; FERM_2; FALSE_NEG.
0057; FERM_3; 1.
binding; Actin-binding; Coiled coil; Repeat; SH3 domain;
tion; Deafness.
  1   1871       MYOSIN HEAD-LIKE.
872   2013       NECK OR REGULATORY DOMAIN.
014   3511       TAIL.
307   1334       COILED COIL (POTENTIAL).
776   1783       ACTIN-BINDING (POTENTIAL).
886   1908       IQ 1.
909   1938       IQ 2.
848   2934       SH3.
190   3511       FERM.
299   1306       ATP (POTENTIAL).
779   1779       C -> Y (IN SH2).
330   1331       MISSING (IN REF. 2).
579   1579       L -> R (IN REF. 3).
955   1972       MISSING (IN REF. 2).
077   2077       L -> M (IN REF. 2).
139   2139       L -> P (IN REF. 2).
953   2953       V -> A (IN REF. 2).
511 AA;  395533 MW;  38C962F98A2D395B CRC64;

         2.4%;  Score 144;  DB 1;  Length 3511;
larity   17.6%;  Pred. No. 0.79;
Conservative  117;  Mismatches  385;  Indels  380;  Gaps   44;

RCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVP--- 59
|  :    || |               |  |               |   |  |
RLASPYGSLRQH---------------PPPW--------------AAPAHVPFPPQA 707

DARPPPAA---------------PSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFA 102
    ||                 ||||                  |      |:||
GFAEPPGTSPEVAPDLLAFPVPRPSFR----------------ASRSRSRRAAYGFP 751
```

```
Qy        103 LLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTD--ALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLAI
                       |    :  | :||:      :| | |
Db        752 --------SPSLIGSRRRPHLPSPQPSLRSLPGQG--------------------

Qy        161 LVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLC
                     :   ||   ||        ||    |||      |:   |:| |   ||
Db        779 ------YHSPLGPLSPQLSLRRGPFQPPFPPPPRRPQSLREAF--SLRRASGRLC

Qy        216 ------LPAPGARRRGGSASRSLPLPKR-----------PRRGAAPEPERT---E
                     |:|    : |   ||| || |           | |   |   |     |
Db        831 VLGSPRPPSPPPLLKHGPRHRSLNLPSRLPRTWRRLSEPPTRAVKPWVHRAYPPE

Qy        256 WAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPST
              |   | : |  :            ::    |   | |  : | :         | |
Db        891 W---GASTGALE------------QQENQREAEDSETPWTVPPLAPSWDVDMPPT

Qy        316 PWDTPC--------PPVYAETKHFLYSS--------------------GDKEQLRE
              ||            ||   |     ::|                    |      |
Db        936 PWPEGIGSLRGFSRPPPVPENPLLEHTSPSCEPQSEDRVSNLTGIFLGQHHDPGE

Qy        349 SLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRL-PRLPQRYWQMRPLFLELLGNH--
              |  |||    :  | : ||  |  |  |  | |  | :        | |  ::
Db        996 SADPSL---EKPEEVVTLGD-PQPPAEPEALNPTPPNKNVVSERKVLRLSASYPL

Qy        401 --AQCP----YGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGS---------------
                |  |    :  : :|  ||     |   : | |:|:
Db       1052 ARATWPQWHRWKTVSRTPAPLAPTRAPGPLLKAGEQPRAEPGRFAVVMPQVRGVS

Qy        435 ----VAAPEEEDTDPRR----------------------LVQLLRQHSSPWQVYG
                  |  ||  | || :                      |   :| :||    : |
Db       1112 GPAPVQPPEHPDQDPEQGPAPQACSLRWPCLWPPTDAHCLWSRIRTYSSQSHLRG

Qy        469 LRRL---VPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWL
               : |     |  |    |:   :||     |  :| :  ::::|    :::    |
Db       1172 HKSLWKKTRPQSW---QNKMHSIRNLPSMRSREQHREDGVEDMTQLEDLQETTVL

Qy        526 VGCVPAAEHRLREEILAKFL---------HWLMSVYVVELLRSF-----------
                     : |    ::  ::         : : ::|  | :: :
Db       1226 ------LKTRFERNLIYTYIGSILVSVNPYRMFAIYGPEQVQQYSGRALGENPPH

Qy        565 ETTFQK------NRLFFYR------KSVWSKL---------QSIGIRQHLKRVQL
                 | |      |:           |:  :||         |   :  :|  ::
Db       1280 NLAFAKMLDAKQNQCVIISGESGSGKTEATKLILRCLAAMNQRRDVMQQIKILEA

Qy        604 A-----EVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAER
              |      ||    :|       :    :   :   :   |::        : : ||
Db       1340 AFGNAKTVRNDNSSR---FGKFVEIFLEGGVICGAITSQYLLEKSRIVFQAKNER

Qy        654 ------LTSRVKALFSVLNYE------RARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLR
                    | ::::  ||:   |      :     : | |    ||  |
Db       1397 YELLAGLPAQLRQAFSLQEAETYYYLNQGGNCEIAGKS--DADDFRR--------

Qy        702 PPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVR
                       ::| | : :  || :  ::|||:   | |  :     |: |
Db       1442 -----LLAAMEVLG-FTSEDQDSIFRILASILHLGNVYFEKHETDAQEVA-----

Qy        762 HVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSP--LRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMC
               | :  ::|      || | : ||  |: |:  : : :: |       :|
Db       1486 SVVSAREIQA-----VAELLQVSPEGLQKAITFKVTETIRE------KIFTPLTV

Qy        820 IRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGI--RRDGLLLRLVD 868
               |               :: :| :| :| :  :: | :  ::| | : ::|
Db       1535 AR--------------DAIAKVLYALLFGWLITRVNALVSPKQDTLSIAILD 157

RESULT 13
IE18_PRVIF
ID   IE18_PRVIF     STANDARD;      PRT;  1461 AA.
AC   P11675;
DT   01-OCT-1989 (Rel. 12, Created)
DT   01-APR-1990 (Rel. 14, Last sequence update)
DT   01-FEB-1994 (Rel. 28, Last annotation update)
```

```
arly protein IE180.

s virus (strain Indiana-Funkhauser / Becker) (PRV).
DNA viruses, no RNA stage; Herpesviridae;
virinae; Varicellovirus.
31523;

OM N.A.
15207; PubMed=2546124;
;
ide sequence analysis of the immediate-early gene of
s virus.";
is Res. 17:4637-4646(1989).


IOV-1989) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
I: THIS IE PROTEIN IS A MULTIFUNCTIONAL PROTEIN CAPABLE
ATING TO THE NUCLEUS, BINDING TO DNA, TRANS-ACTIVATING
RAL GENES, AND AUTOREGULATING ITS OWN SYNTHESIS.
LAR LOCATION: Nucleus of infected cells.
ong stretch of serine residues may be a major site of
ylation.
TY: BELONGS TO THE ICP4/IE140/IE180 FAMILY.
-----------------------------------------------------------
ROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL outstation -
 Bioinformatics Institute.  There are no  restrictions on  its
-profit  institutions as long  as its content  is  in  no  way
 this statement is not removed.  Usage  by  and for commercial
uires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/
mail to license@isb-sib.ch).
-----------------------------------------------------------
; CAA33214.1; -.
 EDBEIF.
R005205; Herpes_ICP4_C.
R005206; Herpes_ICP4_N.
5; Herpes_ICP4_C; 1.
4; Herpes_ICP4_N; 1.
n; Transcription regulation; Trans-acting factor;
 Phosphorylation; Nuclear protein.
390    405       POLY-SER.
958    966       POLY-SER.
461 AA;  149833 MW;  7F31E7ABE403B208 CRC64;

          2.4%;  Score 142;  DB 1;  Length 1461;
larity   23.9%;  Pred. No. 0.35;
Conservative   33;  Mismatches  158;  Indels  172;  Gaps   28;

ALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLD 105
 :: : | | |     |  ||:    :||:|: | :|                || |
GVLERLLPC-PLRLPAPARAPAALGPACLEEVTAALL----------------ALRD 746

G-GPPE---------AFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLAR 155
| || |             :|   :  :|  |     ||
GAGPAERQQAADSVALVARTVAPLVRYSVDGARAREAAW---------------TYA 791

FVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNH---------S 206
|   ||:    | |  |    |   ||| |    |    |    |           :
F---APA---NVAGARL----AEAAARPGPAEPAP----GLPPLWPEQPGLVVPAPA 837

AGVPLGLPAPG----ARRRGGSASRSLPLPK-----------RPRRGAAPEPERTPV 251
|| | |||  |    |  : ||:::|    |            |  |  | |||
AGAPSGLPGSGPSSPASTKSGSSTKSSSGTKSGLSGSSGYASSPAAGPDPAPER--- 894

GWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARP--AEEATSLEG-ALSGTRHSHPSVGRQHHAGPP 308
      : | |  |        ||   ||   | | || |  | |     :   ||
---RKKKRRAPGAR--------RPGDGEEDEGLSGSALRGDGHGHRD--DEEDRGPR 938

RP----PRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETI 364
|     | |   | | : : :     || : ::||        ||
RSLGLGPAP--DPAPALVSSSSS--SSSSEDDRLR--------RP------------ 974
```

```
Qy        365 FLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP----
               ||  |  |       |:|                |   |    |  :||
Db        975 -LGPMPEHPAPDGGFRRVPAG------------ETHTPRPSAAALAAYCPPEVA

Qy        415 ------LRAAVT--PA--AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSP
                     | |:|  ||  | : ||   :|:  ||       ||    :|| : |
Db       1022 EVFPELWRPALTFDPAALAHIAAR---RGAAGAP------LRRRAAWMRQIADP

RESULT 14
IF2_BORPE
ID   IF2_BORPE      STANDARD;      PRT;   997 AA.
AC   Q7VYR2;
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Created)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last sequence update)
DT   15-MAR-2004 (Rel. 43, Last annotation update)
DE   Translation initiation factor IF-2.
GN   INFB OR BP1247.
OS   Bordetella pertussis.
OC   Bacteria; Proteobacteria; Betaproteobacteria; Burkholderiales;
OC   Alcaligenaceae; Bordetella.
OX   NCBI_TaxID=520;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   STRAIN=Tohama I / ATCC BAA-589 / NCTC 13251;
RX   MEDLINE=22827954; PubMed=12910271;
RA   Parkhill J., Sebaihia M., Preston A., Murphy L.D., Thomson N.,
RA   Harris D.E., Holden M.T.G., Churcher C.M., Bentley S.D., Mungal
RA   Cerdeno-Tarraga A.M., Temple L., James K., Harris B., Quail M.A.
RA   Achtman M., Atkin R., Baker S., Basham D., Bason N., Cherevach
RA   Chillingworth T., Collins M., Cronin A., Davis P., Doggett J.,
RA   Feltwell T., Goble A., Hamlin N., Hauser H., Holroyd S., Jagels
RA   Leather S., Moule S., Norberczak H., O'Neil S., Ormond D., Price
RA   Rabbinowitsch E., Rutter S., Sanders M., Saunders D., Seeger K.,
RA   Sharp S., Simmonds M., Skelton J., Squares R., Squares S., Steve
RA   Unwin L., Whitehead S., Barrell B.G., Maskell D.J.;
RT   "Comparative analysis of the genome sequences of Bordetella pert
RT   Bordetella parapertussis and Bordetella bronchiseptica.";
RL   Nat. Genet. 35:32-40(2003).
CC   -!- FUNCTION: One of the essential components for the initiatio
CC       protein synthesis. Protects formylmethionyl-tRNA from sponta
CC       hydrolysis and promotes its binding to the 30S ribosomal sub
CC       Also involved in the hydrolysis of GTP during the formation
CC       70S ribosomal complex (By similarity).
CC   -!- SUBCELLULAR LOCATION: Cytoplasmic.
CC   -!- SIMILARITY: Belongs to the IF-2 family.
CC   --------------------------------------------------------------
CC   This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a col
CC   between  the Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL ou
CC   the European Bioinformatics Institute.  There are no  restrictio
CC   use  by  non-profit  institutions as long  as its content  is  i
CC   modified and this statement is not removed.  Usage  by  and for
CC   entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch
CC   or send an email to license@isb-sib.ch).
CC   --------------------------------------------------------------
DR   EMBL; BX640414; CAE41543.1; -.
DR   HAMAP; MF_00100; -; 1.
DR   InterPro; IPR004161; EFTU_D2.
DR   InterPro; IPR000795; EF_GTPbind.
DR   InterPro; IPR000178; IF2.
DR   InterPro; IPR006847; IF2_N.
DR   InterPro; IPR005225; Small_GTP.
DR   Pfam; PF00009; GTP_EFTU; 1.
DR   Pfam; PF03144; GTP_EFTU_D2; 2.
DR   Pfam; PF04760; IF2_N; 2.
DR   ProDom; PD186100; IF2; 1.
DR   TIGRFAMs; TIGR00487; IF-2; 1.
DR   TIGRFAMs; TIGR00231; small_GTP; 1.
DR   PROSITE; PS01176; IF2; 1.
KW   Initiation factor; Protein biosynthesis; GTP-binding;
KW   Complete proteome.
FT   DOMAIN      501    649       G-DOMAIN.
FT   NP_BIND     507    514       GTP (BY SIMILARITY).
```

```
553     557       GTP (BY SIMILARITY).
607     610       GTP (BY SIMILARITY).
97 AA;  106158 MW;  C8DC28C3170BFFD5 CRC64;

           2.3%;  Score 137;  DB 1;  Length 997;
larity    22.6%;  Pred. No. 0.44;
Conservative    54;  Mismatches  203;  Indels  110;  Gaps   20;

 QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPR 239
 :| |   |  |   :  | |    |  |  |:  |   |     :|  : | |::|
 EAVPAEAAPAPAEPVRAEPA----VETAAKPVEPPVAEAPAEPVAAPAAEPQPEQPA 169

 APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGF---CVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSH 296
 | :|| ||  |   | |     |         |  |  ||:  :  |      |
 A-QPEPTPAAQ---AEPEPQPEPQPEAAPAQAVAEPVEPAKNVSVTETEAEQAR-PE 224

 GRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPP------VYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSL 350
|    ||    ||: | |   |  |      | ||      ::  |   :|  :  :
 ----HAQTELTSQTPTPVAQPSAPAESPKSVKAEP-----AAAPKTTAKPGEIRRAA 275

 LTG-----ARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPY 405
:        |||  |      |  |   ||:: | |:   |        |      |
 APDRAREEARRAAEAEAAALRE-MLSRPRKVLRAPEPEPQ-----AGALSGTLHKPA 329

 LKTHCPLRAAVTPAAGV----------------CAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLV 449
   |  | : |   | |                  ||:||  :  |    |
 ATTAAPKKDAKPGAPGAKKTIKTAEVSSTWSDDSARKKPADNKPAVATRD------- 382

 RQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSR-----HNERRFLRNTKKFISLGKHA--K 502
       |:  |            |  | |     | :||  :  ::||:   |
------GWRAGG-----------KGGRGGRNSRNQHQDRRHEQVQQEFIAREIHVPET 423

 QELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREE----ILAKFLHWLMSVYVVE--- 555
  :|  ||||:    :::   :| :      | :|    :: :| |  ::  : :
 ADLAHKMSVKAAEVIKQLMKLGQMVTINQVLDQETAMIVVQEFGHTAIAAKLDDPEA 483

 SFFYVTETTFQ---------------KNRLFFY-RKSVWSKLQSIGIRQHL 593
     |||   :               |  |  | |::  :  :: || ||:
 ETAAVTEAEAEPRAPVVTVMGHVDHGKTSLLDYIRRAKVASGEAGGITQHI 537


   STANDARD;      PRT;   623 AA.

(Rel. 42, Created)
(Rel. 42, Last sequence update)
(Rel. 42, Last annotation update)
in 1 (xDtx1).

is (African clawed frog).
etazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
trachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
 Xenopus.
355;

M N.A., AND DEVELOPMENTAL STAGE.
5157; PubMed=12617815;
M., Marracci S., Panattoni M., Nardi I.;
nopus Deltex homologue expressed in differentiating
in photoreceptive organs.";
atterns 2:283-287(2002).
: Regulator of Notch signaling, a signaling pathway
 in cell-cell communications that regulates a broad
 of cell-fate determinations. Probably acts both as a
 and negative regulator of Notch, depending on the
ental and cell context. May function as an ubiquitin
rotein for the Notch pathway (By similarity).
 May form a homo- or heteromultimer with other members of
ex family. Probably interacts with Notch1 (By similarity).
PECIFICITY: Specifically expressed in regions undergoing
 differentiation. Mainly colocalizes with Notch1.
ENTAL STAGE: In the tailbud stage, it is expressed in the
```

```
CC         olfactory bulbs, pineal complex and along the neural tube
CC         according to an antero-posterior gradient showing a gap at
CC         midbrain-hindbrain boundary. At tadpole stage, it is expres
CC         the differentiating retina, in the neuronal fibers of the o
CC         and inner plexiform layers, while its expression in the pin
CC         complex becomes restricted to the photosensitive frontal or
CC     -!- DOMAIN: The WWE domains are thought to mediate some protein
CC         protein interaction, and are frequently found in ubiquitin
CC         (By similarity).
CC     -!- SIMILARITY: Belongs to the Deltex family.
CC     -!- SIMILARITY: Contains 1 RING-type zinc finger.
CC     -!- SIMILARITY: Contains 2 WWE domains.
CC     ------------------------------------------------------------------
CC     This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a co
CC     between  the Swiss Institute of Bioinformatics  and the  EMBL o
CC     the European Bioinformatics Institute.  There are no  restricti
CC     use  by  non-profit  institutions as long  as its content  is
CC     modified and this statement is not removed.  Usage  by  and for
CC     entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.c
CC     or send an email to license@isb-sib.ch).
CC     ------------------------------------------------------------------
DR     EMBL; AJ431211; CAD26517.1; -.
DR     InterPro; IPR004170; WWE_dom.
DR     InterPro; IPR001841; Znf_ring.
DR     Pfam; PF02825; WWE; 2.
DR     SMART; SM00678; WWE; 2.
DR     PROSITE; PS50918; WWE; 2.
DR     PROSITE; PS00518; ZF_RING_1; FALSE_NEG.
DR     PROSITE; PS50089; ZF_RING_2; 1.
KW     Repeat; Metal-binding; Zinc; Zinc-finger.
FT     DOMAIN        13     93       WWE 1.
FT     DOMAIN        94    170       WWE 2.
FT     ZN_FING      413    474       RING-TYPE.
FT     DOMAIN       226    243       PRO-RICH.
SQ     SEQUENCE   623 AA;  68333 MW;  0BBE3411882F8F36 CRC64;

  Query Match             2.2%;  Score 134;  DB 1;  Length 623;
  Best Local Similarity   25.6%;  Pred. No. 0.38;
  Matches  101;  Conservative   35;  Mismatches  154;  Indels  104;

Qy        172 GPPLYQLGAATQARPPP--HASGPRRR---LGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPG
              |||      |    |||  | || |:     |    |  :        |: : |
Db        228 GPP-----PALPPPPPPPIHPSGLRQSNTYSGGAAGWGRTGE------GMRSTG

Qy        227 SASRSLPLPKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPG--RTRGPSDRGFCVVSPARP
                |||  :|     |||| |     || :   ||  || | | |    : |  ||
Db        277 GFSRSQSVP-----GAAPYP-----GQNNLNRPGEQRTSGSSSR--ASIPPGVP

Qy        285 LEGALSGTRHSHPSVGRQHHAG-----------PPSTSRPPRPWDTPCPPVYAE
              | |  ||    ||::     ||           |   :| |:|   | |    :
Db        325 LNG--SGP--VHPAL-----AGMTGILMCAAGLPVCLTRAPKPILHPPPVSKED

Qy        334 SSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVE----------TIFLGSRPWMPGTPR
               ||   : :   |  |  |     ||  ::          ||  :       |
Db        376 VSGICRKTKKKHLKKSKNPEEV-VRRYIQKVKSPPDEDCTICMERLVTASGYDG

Qy        384 QRYWQMRPLFLELLGNHAQC--PYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSV
                    | :  ||:|   :|   | ||    ||:         :       ||:
Db        433 ------RGIRAELVGKLGKCNHMYHVL----CPV--------AMYNNGNKDGSL

Qy        439 ----EEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLV---PPGLWGSRHNER
                  |:  | |   ::    |  |  : ||      |:|   | |: |  |
Db        475 AIYGEKTGTQPPGKMEF---HVIPHSLPGFSDCKTIRIVYDIPSGMQGPEHP---

Qy        492 KKFISLG--KHAKLSLQELTWK-MSVRDCAWLRR 522
              ||| : |  :|  |   :   | : :   ||  ||
Db        527 KKFTARGFPRHCYLPDNDKGRKVLRLLLAAWERR 560

Search completed: April 22, 2004, 00:14:04
Job time : 27 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.6
           Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

:ein search, using sw model

pril 21, 2004, 23:41:41 ; Search time 83 Seconds
                                     (without alignments)
                                     4303.212 Million cell updates/sec

S-09-424-686F-2
961
 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

LOSUM62
apop 10.0 , Gapext 0.5

017041 seqs, 315518202 residues

its satisfying chosen parameters:      1017041

ngth: 0
ngth: 2000000000

Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

SPTREMBL_25:*
:  sp_archea:*
:  sp_bacteria:*
:  sp_fungi:*
:  sp_human:*
:  sp_invertebrate:*
:  sp_mammal:*
:  sp_mhc:*
:  sp_organelle:*
:  sp_phage:*
0:  sp_plant:*
1:  sp_rodent:*
2:  sp_virus:*
3:  sp_vertebrate:*
4:  sp_unclassified:*
5:  sp_rvirus:*
6:  sp_bacteriap:*
7:  sp_archeap:*

s the number of results predicted by chance to have a
er than or equal to the score of the result being printed,
ved by analysis of the total score distribution.

                           SUMMARIES
%
uery
atch Length DB  ID                         Description
-------------------------------------------------------------------
93.7   1069  4  Q8NG46                     Q8ng46 homo sapien
68.0    807  4  Q8N6C3                     Q8n6c3 homo sapien
66.6    795  4  Q8NG38                     Q8ng38 homo sapien
60.9   1128 11   Q9QXZ4                     Q9qxz4 mesocricetu
47.4    524  4  Q9UBR6                     Q9ubr6 homo sapien
38.9   1191 13   Q9DE32                     Q9de32 xenopus lae
37.0    523  4  O94807                     O94807 homo sapien
33.8    575 11   Q9JK99                     Q9jk99 rattus norv
23.0    514 11   Q9R266                     Q9r266 mus musculu
12.2   1123 10   Q9SE99                     Q9se99 arabidopsis
12.2   1123 10   Q9SPU7                     Q9spu7 arabidopsis
11.5   1259 10   Q9AU13                     Q9au13 oryza sativ
11.0   1261 10   Q8LKW0                     Q8lkw0 oryza sativ
 8.0   1032  5  Q7Z1L1                     Q7z1l1 euplotes cr
 8.0   1032  5  Q8MUB3                     Q8mub3 euplotes cr
 7.5     85  4  Q9UNS6                     Q9uns6 homo sapien
```

```
   17     449    7.5    116  11  Q80SU5                    Q80su5 r
   18     441    7.4   1032   5  Q7Z1L0                    Q7z1l0 eu
   19     408    6.8    823   5  Q8SQQ0                    Q8sqq0 en
   20     397    6.7    104  11  Q9JLM1                     Q9jlm1 m
   21   395.5    6.6   1135   5  Q8I8Z7                    Q8i8z7 st
   22     394    6.6     73   4  Q9UNR4                    Q9unr4 ho
   23     392    6.6   1108   5  Q8I8Z6                    Q8i8z6 st
   24     365    6.1    867   3  Q9P8T3                    Q9p8t3 ca
   25     364    6.1    895   5  Q9GRC5                    Q9grc5 pa
   26     361    6.1    867   3  Q9P8T2                    Q9p8t2 ca
   27     342    5.7    896   5  Q8MUQ8                    Q8muq8 pa
   28     339    5.7     79   6  Q7YR69                    Q7yr69 fe
   29     200    3.4     52  11  Q9R0B3                     Q9r0b3 m
   30   188.5    3.2    960   5  Q9NCP5                    Q9ncp5 gi
   31     179    3.0   2675   2  Q9FB23                    Q9fb23 st
   32     167    2.8   1474   5  Q962F9                    Q962f9 cr
   33     161    2.7   1070   4  Q96JG5                    Q96jg5 ho
   34     159    2.7    771  10  Q9XHY4                     Q9xhy4 o
   35   152.5    2.6    296  12  Q69118                     Q69118 h
   36     152    2.5   1285  10  Q9LWK0                     Q9lwk0 o
   37   151.5    2.5    539  10  Q9SR71                     Q9sr71 a
   38   151.5    2.5    669   4  Q8N4X0                    Q8n4x0 ho
   39   150.5    2.5    653  11  O08817                     O08817 m
   40     150    2.5    611  11  Q8K0M8                     Q8k0m8 m
   41     150    2.5    850  11  Q9JJ15                     Q9jj15 m
   42     150    2.5    850  11  Q80XI6                     Q80xi6 m
   43   148.5    2.5   1305  11  Q80YF9                     Q80yf9 m
   44   147.5    2.5    986  12  Q9DW99                     Q9dw99 r
   45     147    2.5   1186  12  Q7T401                     Q7t401 s

                                ALIGNMENTS

RESULT 1
Q8NG46
ID   Q8NG46      PRELIMINARY;      PRT;  1069 AA.
AC   Q8NG46;
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Created)
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Last sequence update)
DT   01-OCT-2003 (TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase.
GN   HTERT.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RA   Hisatomi H., Nagao K., Hirata H., Hikiji K., Kanamaru T.;
RT   "Exon 11 deleted variant of the human telomerase reverse
RT   transcriptase.";
RL   Submitted (MAY-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
DR   EMBL; AB085628; BAC11010.1; -.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003677; F:DNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. .
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   RNA-directed DNA polymerase.
SQ   SEQUENCE   1069 AA;  120047 MW;  BE1E77A653B1C666 CRC64;

  Query Match             93.7%;  Score 5583.5;  DB 4;  Length 1069;
  Best Local Similarity   94.4%;  Pred. No. 0;
  Matches 1069;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels   63;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
LPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420

AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS 480

NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEI 540

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRE 600

EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHL 780

TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL 840

SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNL 900
 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
SLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFL---------------- 884

TVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTF 960
                                             |||||||||||||
---------------------------------------------SYARTSIRASLTF 897

GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 1020
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLP 957

QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1080
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
QQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLL 1017

TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1069
```

```
ID   Q8N6C3      PRELIMINARY;      PRT;   807 AA.
AC   Q8N6C3;
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Created)
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Last sequence update)
DT   01-OCT-2003 (TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
DE   Beta and gamma deletion isoform of telomerase reverse
DE   transcriptase.
GN   HTERT.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostom
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RC   TISSUE=Stomach cancer;
RA   Hisatomi H., Nagao K., Kanamaru T., Sumida H., Hirata H., Yamam
RA   Kazumasa H.;
RT   "Both beta and gamma deletion isoform of human telomerase rever
RT   transcriptase.";
RL   Submitted (JUN-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
DR   EMBL; AB086379; BAC11014.1; -.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003677; F:DNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
SQ   SEQUENCE   807 AA;  90225 MW;  199664460CE6D763 CRC64;

  Query Match             68.0%;  Score 4052;  DB 4;  Length 807;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 1.9e-304;
  Matches  763;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHR

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKR

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKA 660

VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
VLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTI 720

RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHV 763
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHV 763



PRELIMINARY;      PRT;   795 AA.

(TrEMBLrel. 22, Created)
(TrEMBLrel. 22, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
variant of telomerase reverse transcriptase.

 (Human).
etazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
theria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
606;

M N.A.
ch;
 Nagao K., Kanamaru T., Hirata H., Miyachi K., Hikiji H.;
eted variant of human reverse transcripatse.";
JN-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
50; BAC11015.1; -.
34; C:nucleus; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
64; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; IEA.
R003545; Telomerase_RT.
365; TELOMERASERT.
 DNA polymerase.
95 AA;  88965 MW;  6BEAC8A6D1A2E8CB CRC64;

        66.6%;  Score 3973;  DB 4;  Length 795;
larity   98.4%;  Pred. No. 2.4e-298;
Conservative     0;  Mismatches     0;  Indels    12;  Gaps    1;

PRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

NTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

RPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
RPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

EPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
EPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

AGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360

FLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
FLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
```

```
Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPI
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPI

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHF
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHF

Qy        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKF
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 LAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKF

Qy        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 LSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLT

Qy        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 LFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVK-----

Qy        721 PQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHV 763
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        711 --DRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHV 751


RESULT 4
Q9QXZ4
ID   Q9QXZ4      PRELIMINARY;      PRT;  1128 AA.
AC   Q9QXZ4;
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Created)
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Last sequence update)
DT   01-OCT-2003 (TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
DE   Telomerase catalytic subunit.
OS   Mesocricetus auratus (Golden hamster).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Cricetinae;
OC   Mesocricetus.
OX   NCBI_TaxID=10036;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=21240330; PubMed=11342218;
RA   Guo W., Okamoto M., Lee Y.M., Baluda M.A., Park N.H.;
RT   "Enhanced activity of cloned hamster TERT gene promoter in trans
RT   cells.";
RL   Biochim. Biophys. Acta 1517:398-409(2001).
DR   EMBL; AF149012; AAF17334.1; -.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003677; F:DNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003723; F:RNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. .
DR   GO; GO:0016740; F:transferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006278; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 1.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   RNA-directed DNA polymerase; Transferase.
SQ   SEQUENCE   1128 AA;  128394 MW;  1D4F81249012174E CRC64;

  Query Match             60.9%;  Score 3628;  DB 11;  Length 1128;
  Best Local Similarity   63.3%;  Pred. No. 1.9e-271;
  Matches  736;  Conservative  124;  Mismatches  238;  Indels   64;  (

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
              |||||||||||:|||| ||:| |||||||||||:| :||| |||  || |||:||
Db          1 MPRAPRCRAVRALLRSQYRQVWPLATFVRRLGPEGRQLVQPGDPKVFRTLVARCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFT
              |::||||  || ||| ||||||||:||||||| :|||  ||||||:||:||||  ||
Db         61 DSQPPPADLSFHQVSSLKELVARVVQRLCERGERNVLTFGFALLNGAQGGPPMTFT

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLY
```

```
||:||::|| |||| ||| |||||:||:|||||||::|| ||||||||| ||||: |
PNSVTESLRVSGAWMLLLNRVGDDLLVYLLARCALYLLVPPSCAYQVCGSPLYQICA 180

ARPP-PHASGPRRRLG--------CERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRS 231
  |       | | :|          |  | | :||  |   |:  |:|     :||
IWPSVSRIYRPTRPVGRNFTHLGSTHRVRNSSHQEAWKPPPLPSREAKRSLSITNRS 240

PKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPAR----PAEEATSLEG 287
 |: |   ||  |: |  |           |||: : | :||:    |    |  |
SKKARCDLAPRLEKGPYRQA-------VPTPSDKTW-VPNPAKSHAVPISRTTK-ED 291

GTRHSHPSVGRQ----HHAGPPSTS-RPP--------RPWDTPCPPVYAETKHFLYS 334
| :   | : |     :   | ||| : |        ||        | ||| ||||
GVK--APGLSRSGSVCYKHKPSSTSLQSPLCQNAFQLRP--------YTETKRFLYS 341

DKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLF 393
 :|:| |||||::|:||||||||||| :||| ||   |      || :|||||||||
GRERLNPSFLLNNLQPSLTGARRLVEILFLGMRPRTSGPLCGRRRLSKRYWQMRPLF 401

LGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLR 453
| |||:|||  ||::||  | |    ||                  | |:||: |||
LVNHARCPYVRLLRSHCRFRTAAHQVAGAL--------------NTTSPQRLMNLLR 447

SPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMS 513
||||||||::||: :||||||||||||:||| :| |:||||||: |||||||||||
SPWQVYGFLQACVGKLVPPGLWGSRHNQRRFFKNVKRFISLGKYDKLSLQELTWKMK 507

CAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRL 573
| ||| |||  |||||||| || ||| || |||  ||||||||||||||||||||||
CRWLRSSPGNNCVPAAEHRTRERILAVFLFWLMDAYVVELLRSFFYVTETTFQKNRL 567

RKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPI 633
|||:| :|||||:| ||:||:|:|||: |||| :|| ||:   |||||||| |||||
RKSMWRRLQSIGVRHHLERVRLQELSQEEVRQRQEAWPAMPICRLRFIPKPSGLRPI 627

DYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTF 693
 | :| | | : |:|:  |  :| ||||||||  :   |||||||||:||:| ||||
SY-MGTRAFDKGKQAQHFTQCLKTLFSVLNYELTKHTNLLGASVLGLNDIYRTWRTF 686

VRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIK-PQNTYCVRRYAVVQKAAH 752
||  || | :|||| ||||||| ||||:| ||||::|: | |:||: :|||||:
VRTLDPAPRMYFVKADVTGAYDAIPQDKLVEVIANMIRHPDNSYCIHQYAVVQRDRQ 746

RKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQ--ETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFL 810
 |:|:  ||||:||||:| ||: |||  :|| ||::|||||| ||||||| ||| ||
HKSFRRQVSTLSDLQPHMGQFLKHLQDSDTSALRNSVVIEQSLSLNEASSSLFDFFL 806

CHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRLVDDF 870
 :  |:| |: ||||||||||| |||||||||:||||||||| :::|||||| ||||
RNSVVKIGGRCYVQCQGIPQGSSLSTLLCSLCFGDMENKLFAEVQQDGLLLRFVDDF 866

TPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPW 930
||||  |: ||| ||||:|||||::||:||||||||:   | |||  |:||| ||||
TPHLVQAEAFLRALVRGIPEYGCMINLQKTVVNFPVDAGTLDGTAPHQLPAHCLFPW 926

LLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQ 990
||||:||||  ||: ||||||:||||| | ||||||||:||  ||||||||||||||
LLDTQTLEVLCDYTGYARTSIKASLTFQRTFKAGRNMRQKLLAVLRLKCHSLFLDLQ 986

LQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAK 1050
||||| |:||| |||||||||| ||||| | | ||| ||| :||: || |||||| |
LQTVCINVYKIFLLQAYRFHACALQLPFDQHVRKNPAFFLSIISNIASCCYSILKVK 1046

MSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGT 1110
|:| ||||:|  | || :|||:|||||||  | |||  ||| ||||| || ||||
MTLKAKGASGSFPPEAARWLCYQAFLLKLAGHSVTYKCLLGPLRTAQKQLCRKLPRA 1106

ALEAAANPALPSDFKTILD 1132
 || ||:||| :||:||||
ILETAADPALSTDFQTILD 1128
```

```
Q9UBR6
ID   Q9UBR6     PRELIMINARY;      PRT;   524 AA.
AC   Q9UBR6;
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Created)
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Last sequence update)
DT   01-JUN-2003 (TrEMBLrel. 24, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (Fragment).
GN   TERT.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=99144726; PubMed=10022128;
RA   Greenberg R.A., O'Hagan R.C., Deng H., Xiao Q., Hann S.R., Adams
RA   Lichtsteiner S., Chin L., Morin G.B., DePinho R.A.;
RT   "Telomerase reverse transcriptase gene is a direct target of c-M
RT   is not functionally equivalent in cellular transformation.";
RL   Oncogene 18:1219-1226(1999).
RN   [2]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=99140777; PubMed=9988278;
RA   Wu K.J., Grandori C., Amacker M., Simon-Vermot N., Polack A.,
RA   Lingner J., Dalla-Favera R.;
RT   "Direct activation of TERT transcription by c-MYC.";
RL   Nat. Genet. 21:220-224(1999).
DR   EMBL; AF121948; AAD24464.1; -.
DR   EMBL; AF114847; AAD17210.1; -.
DR   GO; GO:0003964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
KW   RNA-directed DNA polymerase.
FT   NON_TER     524    524
SQ   SEQUENCE   524 AA;  57932 MW;  5F47DEFD01832B1B CRC64;

  Query Match             47.4%;  Score 2825;  DB 4;  Length 524;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 8.2e-210;
  Matches  524;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCL

Qy         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF

Qy        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL

Qy        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ATQARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLP

Qy        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHS

Qy        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 RQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLT

Qy        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 VETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPL

Qy        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 PAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPP

Qy        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSP 524
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 RHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSP 524
```

```
 PRELIMINARY;      PRT;  1191 AA.

 (TrEMBLrel. 16, Created)
 (TrEMBLrel. 16, Last sequence update)
 (TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
:everse transcriptase.

ris (African clawed frog).
Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
itrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
 Xenopus.
355;

M N.A.
 Ishikawa F.;
reverse transcriptase of Xenopus laevis.";
EC-1999) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
99; AAG43537.1; -.
34; C:nucleus; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
23; F:RNA binding; IEA.
64; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; IEA.
40; F:transferase activity; IEA.
78; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 2.
365; TELOMERASERT.
 DNA polymerase; Transferase.
191 AA;  138016 MW;  9BD9D776869A57D6 CRC64;

          38.9%;  Score 2316.5;  DB 13;  Length 1191;
larity    42.4%;  Pred. No. 5.6e-170;
Conservative  201;  Mismatches  381;  Indels  123;  Gaps   25;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLG-PQGWR--LVQRGDPAAFRALVAQCLVC 57
      : |:|:  | :|| :  :   |  | | :  ::  ||   ||: ||: :||
RTGGATLLSILQRLYGQVLGIVEYTDTLQVPGGIKVPVLLEGDSEKFRSFVAELVVC 60

DARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTT 117
  :| |:  || |:|  :|:||||:||:||:  |||||||: |:|  :       |
GTKPLPSPVSFLQLSTQREVVARVIQRICEKKRKNVLAFGYGLVD-EKNSLNIRLTP 119

SYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLY- 176
:| ||  |  :  |  |  || ||||||::: | :|::|| | | | ||: | |:|
NYFPNPTTTTISTSILWETLLTRVGDDVMMYWLEQCSIFVFVPPRCCYQITGQPIYT 179

------QLGAATQAR------------------PPPHASGPRRRLGCERAWNHSVRE 209
      |  : ||:                    | |:   |        |  :
DDVFLFQSQSFTQSNVLLRYIKRNVFHLRKKYLKPKHSMTSRM-----LTWRRNKSP 234

PLGLPAPGARRRGGSASRSL------PLPKRPRRGAAPE---------PERTPVGQG 254
 :      |      : | |       :| : ||    :         |    |
LIRSKTSMAVTTEIHSKRKLCSKDICVIPDKKRRDNLDKDDTVDHFDLPMCRSVSYL 294

HPGR--------TRG-PSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRH----------- 294
:|          | |    : |    |    :: |:   :::|  :
YPKTNVQVTGLITSGYKKTKTFQCQKPVSCEQKKTTAFYSVAGDCNLSLKDNVNKLI 354

SVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLY-SSGDKEQLRPSFLLSSLRPS 353
||       | : ||           :: :    || |   |:    ||:|:||  :
SV-------PTAQSR------LSFSNIFIDFGRTLYLSISYKKGFSESFILNSLDST 401

ARRLVETIFLGS--------RPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPY 405
:::||||||| :        :|      |   :||:|||:|:| | ||: || : ||
SQKLVETIFLSNFLAEQNFDQPKRDENCRY--KLPKRYWKMKPHFQELIQNHKKFPY 459

LKTHCPLRAAVTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEED--------TDPRRLVQLLRQHSS 457
```

```
              | |  |||:|:::      |: ::   |:     |:        |    |: |
Db       460 LVYLNKHCPVRSSM-----ACSEKR---SLQKNRIENDGKQLKHFTTKANLLSL

Qy       458 PWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISL-GKHAKLSLQELTW
              |||| ||| ||  :||  :||| ||: || || | |:   ||  |:|| || |
Db       512 IWQVYMFVRECLNNVVPDIMWGSSHNKCRFFRNVKSFLFFSGKFGKISLSELMW

Qy       517 CAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQK
             |:|:|       |||:|| |||:|||||: |||  ||::||:|||||||| |||
Db       572 CSWIRLQKSDHFVPASEHLLREKILAKFVFWLMDTYVIQLLKSFFYVTETMFQK

Qy       577 RKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGL
             ||||| |||:||:|:||::|:|| ||  |:   :: :   | |||||||| :||
Db       632 RKSVWKKLQNIGLRKHLEKVKLRSLSSDELENMQQWKNVPLVSRLRFIPKTNGL

Qy       637 DYVVGARTFR--REKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHR
                : ::  :  :||:    :|::: ||||||||  |   |:|:|| |:|||::
Db       692 SSTLSSQQSKENQEKKIHHFSSQIRNLFSVLNYEWNRNCSLIGSSVFGMDDIYKI

Qy       695 LRV-RAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKP--QNTYCVRRYA
             |   : |    : |||| || |||||||  :| |||: :| |     ||:||||
Db       752 LDFEKPQVEKLQFYFVKTDVKGAYDTIPHSKLDEVISKVINPNANEVYCIRRYA

Qy       752 HGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLF
              | : |:|| ||| | |: | |:|||:: || : ||: :::||:  |||:|  |
Db       812 TGRIIKSFKRHVSELADVLPNMKQFVSNQQEKNLLRNTILVEQNLLLNESSVKL

Qy       812 FMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDGLLLRI
              :  | :||: : |:|| ||||||:|||:||||||||||| :  ||:::|:|:||
Db       872 IIRSHILRIKDRYYMQCCGIPQGSMLSTILCSLCYGDMENAMLGGIQKNGVLMRI

Qy       872 LVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVED--EALGGTAFVQMPA
             ||||||  ||||||||  |:|:||| :: :||||||||:|  |    :   |:|:
Db       932 LVTPHLDQAKTFLRTLAEGIPQYGCSISPQKTVVNFPVDDIPEC---SEVEQLPS

Qy       930 WCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHS
             ||||||||:||:|  |||||| ||||:|:||     ||: |::||  ||||||||
Db       989 WCGLLLDTQTLDVYYDYSSYACTSIRSSMTFCHSSAAGKYMKQKLIRVLRLKCHS

Qy       990 QVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCY
             :||||:||| | ||| |||||||||||:|||| |:|  || ||| |||| |   |
Db      1049 KVNSLRTVCINTYKIFLLQAYRFHACVVQLPFGQRVMNNPPFFLTVISDMAPCFY

Qy      1050 KNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLS
             ||  :: | |  :     |||||| :|||| ||  |:| |  |:| |:  : |||
Db      1109 KNKDLTRGYKDVSCQFNFEAVQWLSYQAFLTKLHNHKVLYKCLIGPLQNCKMQLS

Qy      1110 TTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
              |:  |::  : :|  ||  |:|
Db      1169 DTIELLKSVTDSSLHKDFSCIMD 1191

RESULT 7
O94807
ID   O94807      PRELIMINARY;      PRT;   523 AA.
AC   O94807;
DT   01-MAY-1999 (TrEMBLrel. 10, Created)
DT   01-MAY-1999 (TrEMBLrel. 10, Last sequence update)
DT   01-OCT-2000 (TrEMBLrel. 15, Last annotation update)
DE   Telomerase transcriptase (Fragment).
GN   HTERT.
OS   Homo sapiens (Human).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
OX   NCBI_TaxID=9606;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RA   Takakura M., Kyo S., Kanaya T., Hirano H., Takeda J., Yutsudo M.,
RA   Inoue M.;
RT   "Cloning and characterization of human telomerase catarytic subu
RT   (hTERT) gene promoter.";
RL   Cancer Res. 0:0-0(1999).
DR   EMBL; AB016767; BAA74724.1; -.
```

```
523    523
23 AA;  56555 MW;  8FDE562DDECC93DA CRC64;

          37.0%;  Score 2207.5;  DB 4;  Length 523;
larity   78.7%;  Pred. No. 4.7e-162;
Conservative    3;  Mismatches   56;  Indels   59;  Gaps    6;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180

ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ARPPPHASGPRRRLGCERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRSLPLPKRPRR 240

PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
PEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVG 300

HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRL 360
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
HAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGDKEQLRPSFLLSSLRPILTGARRL 360

IFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVT 420
||||| |   | |   |  |    :  | |   ||     | |      |  |
IFLGSSPGCQGLPAGCPACPSATGKCGPCFWSCLGTTRSAPTG------CSSRRTAR 414

GVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLW-- 478
  |    ||  |: |      || |          |      |   ||   |  |
--CELRSPQQPVSVP---GRSPRAL----------W------RPPRRRTQTPVAWCS 450

------------------------GSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWK 511
                        | :   |||||||||||||||||||||||||||
STAPLAGVRLRAGLPAPAGAPRPLGLQAQRRRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWK 510

RDCAWLRRSP 524
||||||||||
RDCAWLRRSP 523


PRELIMINARY;      PRT;   575 AA.

(TrEMBLrel. 15, Created)
(TrEMBLrel. 15, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
atalytic subunit (Fragment).
gicus (Rat).
etazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
theria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Rattus.
0116;

M N.A.
 S., Xu X., Yu H.;
ase catalytic subunit, rTERT.";
AR-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
18; AAF62177.1; -.
34; C:nucleus; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
23; F:RNA binding; IEA.
64; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; IEA.
40; F:transferase activity; IEA.
78; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
```

```
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 1.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   RNA-directed DNA polymerase; Transferase.
FT   NON_TER       1      1
SQ   SEQUENCE   575 AA;  65672 MW;  F80C81BD7F6A91A3 CRC64;

  Query Match             33.8%;  Score 2016;  DB 11;  Length 575;
  Best Local Similarity   67.6%;  Pred. No. 3.5e-147;
  Matches  391;  Conservative   71;  Mismatches  110;  Indels    6;

Qy        558 RSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREA
              |||||:||:|||||||||||||||||||||||:||||:||:|||||: ||| |::
Db          1 RSFFYITESTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGVRQHLERVRLRELSQEEVRHHQDT

Qy        618 TSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARR
                ||||||||:|||||||| | :| |   | |:|:  | |:| |||:||||| :
Db         61 ICRLRFIPKPNGLRPIVNMSYSMGTRALGRRKQAQHFTQRLKTLFSMLNYERTKH

Qy        678 ASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASI
              :||||::||:| || ||||||| |  | :|||| ||||||| ||| :| ||:|::
Db        121 SSVLGMNDIYRTWRAFVLRVRALDQTPRMYFVKADVTGAYDAIPQGKLVEVVANM

Qy        737 NTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQET--SPLRDA
              :|||:|:||||:: : | | |:|:  |:||:|||||| ||: |||::  | ||::
Db        181 STYCIRQYAVVRRDSQGQVHKSFRRQVTTLSDLQPYMGQFLKHLQDSDASALRNS

Qy        795 SSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDM
              | |:||:|| ||| ||:|: |  |:|  : | ||||||||| |||||||||:|||
Db        241 SISMNESSSSLFDFFLHFLRHSVVKIGDRCYTQCQGIPQGSSLSTLLCSLCFGDM

Qy        855 AGIRRDGLLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPV
              | ::||||||| |||||||||||  ||||| ||| |||||||::||:||||||||
Db        301 AEVQRDGLLLRFVDDFLLVTPHLDQAKTFLSTLVHGVPEYGCMINLQKTVVNFPV

Qy        915 GGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRN
              || |  |:||| |||||||||||:||||  ||| ||:|||: ||||   ||||:
Db        361 GGAAPYQLPAHCLFPWCGLLLDTQTLEVFCDYSGYAQTSIKTSLTFQSVFKAGKT

Qy        975 FGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNP
                ||||||| |||||||||||||| ||||| |||||||||||:||||  |:| ||
Db        421 LSVLRLKCHGLFLDLQVNSLQTVCINIYKIFLLQAYRFHACVIQLPFDQRVRKNL

Qy       1035 VISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVTY
              :||  || ||:||| || ||:| | |:    | ||  |||:|||||||  | | |
Db        481 IISSQASCCYAILKVKNPGMTLKASGS---FPPEAAHWLCYQAFLLKLAAHSVIY

Qy       1095 SLRTAQTQLSRKLPGTTLTALEAAANPALPSDFKTILD 1132
               |||||  |  ||||  |:| |:|||:||| :||:||||
Db        538 PLRTAQKLLCRKLPEATMTILKAAADPALSTDFQTILD 575


RESULT 9
Q9R266
ID   Q9R266      PRELIMINARY;      PRT;   514 AA.
AC   Q9R266;
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Created)
DT   01-MAY-2000 (TrEMBLrel. 13, Last sequence update)
DT   01-JUN-2003 (TrEMBLrel. 24, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase (Fragment).
GN   TERT.
OS   Mus musculus (Mouse).
OC   Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi
OC   Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mu
OX   NCBI_TaxID=10090;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RX   MEDLINE=99144726; PubMed=10022128;
RA   Greenberg R.A., O'Hagan R.C., Deng H., Xiao Q., Hann S.R., Adams
RA   Lichtsteiner S., Chin L., Morin G.B., DePinho R.A.;
RT   "Telomerase reverse transcriptase gene is a direct target of c-M
RT   is not functionally equivalent in cellular transformation.";
```

```
:1219-1226(1999).
949; AAD24465.1; -.
964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
 DNA polymerase.
 514    514
514 AA;  58382 MW;  3096599776D9BBFD CRC64;

           23.0%;  Score 1373;  DB 11;  Length 514;
ilarity    56.1%;  Pred. No. 1.6e-97;
 Conservative    50;  Mismatches  142;  Indels   46;  Gaps   10;

APRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFVRRLGPQGWRLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPW 60
|||| |||||||| |||| |||||||||||:| |||| |||  :| ||||||||: |
APRCPAVRSLLRSRYREVWPLATFVRRLGPEGRRLVQPGDPKIYRTLVAQCLVCMHW 60

PPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLCERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVR 120
||||  || ||| ||||||||:||||||  :||||||| ||: |||||| |||:|||
PPPADLSFHQVSSLKELVARVVQRLCERNERNVLAFGFELLNEARGGPPMAFTSSVR 120

PNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGA 180
|||| : || |||| ||| |||||:||:||| |||::|| ||||||||| ||||: |
PNTVIETLRVSGAWMLLLSRVGDDLLVYLLAHCALYLLVPPSCAYQVCGSPLYQICA 180

ARPPPHAS-GPRRRLG--------CERAWNHSVREAGVPLGLPAPGARRRGGSASRS 231
  |   ||  | | :|         ::   :| :||  || ||: | :|     | |
IWPSVSASYRPTRPVGRNFTNLRFLQQIKSSSRQEAPKPLALPSRGTKRHLSLTSTS 240

PKRPRRGAAPEPERTPVGQGSWAHPGRTRGPSDRGFCVVSPAR-----PAEEATSLE 286
 |: |    |  |  |       |      || : : | ||||      ||:  | :
AKKARCYPVPRVEEGP-------HRQVLPTPSGKSW-VPSPARSPEVPTAEKDLSSK 292

SGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYSSGD-KEQLRPSF 345
|    |  ||  :|     |   |||       | : ||:||||| || :|:| |||
SDLSLS-GSVCCKHKPSSTSLLSPPRQNAFQLRP-FIETRHFLYSRGDGQERLNPSF 350

SLRPSLTGARRLVETIFLGSRPWMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPY 405
:|:|:||||||||| |||||||   |   |  || :||||||||| :|| |||:| |
NLQPNLTGARRLVEIIFLGSRPRTSGPLCRTHRLSRRYWQMRPLFQQLLVNHAECQY 410

LKTHCPLRAA---VTPAAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVY 462
|::||  | |   || |                   :| |  |: ||| ||||||||
LRSHCRFRTANQQVTDAL------------------NTSPPHLMDLLRLHSSPWQVY 452

RACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRR 522
|||| ::|   |||:||||||| :| ||||||||: ||||||| ||| | || |||
RACLCKVVSASLWGTRHNERRFFKNLKKFISLGKYGKLSLQELMWKMKVEDCHWLRS 512

524

514


PRELIMINARY;      PRT;   1123 AA.

(TrEMBLrel. 13, Created)
(TrEMBLrel. 13, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
everse transcriptase catalytic subunit.

haliana (Mouse-ear cress).
iridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
a; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids;
 Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
702;

 N.A.
erg erecta;
9564; PubMed=10611295;
.S., Riha K., Gao F., Ren S., McKnight T.D., Shippen D.E.;
of the telomerase catalytic subunit gene from Arabidopsis
elomerase and leads to a slow loss of telomeric DNA.";
```

```
RL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 96:14813-14818(1999).
DR   EMBL; AF172097; AAD54276.1; -.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003677; F:DNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003723; F:RNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
DR   GO; GO:0004867; F:serine protease inhibitor activity; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas.
DR   GO; GO:0016740; F:transferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006278; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR000215; Serpin.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 1.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
DR   PROSITE; PS00284; SERPIN; 1.
KW   RNA-directed DNA polymerase; Transferase.
SQ   SEQUENCE   1123 AA;  130551 MW;  44F248295817B7F6 CRC64;

  Query Match             12.2%;  Score 724.5;  DB 10;  Length 1123;
  Best Local Similarity   23.9%;  Pred. No. 7.1e-47;
  Matches  294;  Conservative  192;  Mismatches  506;  Indels  237;

Qy           1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFV------RRLGPQGWR-----------
               ||| || |    | |        |   :      | : |:  |
Db           1 MPRKPRHRVPEILWRLFGNRARNLNDAIVDLIPNRNIQPEQCRCRGQGCLGCSS

Qy          39 VQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRL---C
               ::  ||  :| |: :| | |  :  ||    |       :|:| |::: :   |
Db          61 LRSDDPIHYRKLLHRCFV-VLHEQTPPLLDFSPTSWWSQREIVERIIEMMQSGC

Qy          96 VLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVL
               |:   :   | :                 : : : |  | :|  ||:||| ||:
Db         118 VICARYDKYDQS-----------------SPILELLT-SSSWEFLLKRVGHDVM

Qy         156 CALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAAT------QARPPPHASGPRRRLGCERAW
                ::|: :      || ||||      |      : :   :   | :|     | :
Db         160 TSIFLPLLGKKHQQVSGPPLCIKHKRTLSVHENKRKRDDNVQPPTKRQWLSSAV

Qy         210 AGVPLGLPAPG----ARRRGGSASRSLPLPKRPRRGA--------APEPERTPV
                   :  |  |      |   :  ||    || |:             |  ||
Db         220 DSATI-TPIVGEDVDQHREKKTTKRSRIYLKRRRKQRKVNFKKVDCNAPCITP--

Qy         258 HPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTS
                   | |    |           :  :|   ::|:        :|
Db         272 ---STNGKVSTG----------NDEMNLHIGINGSLTDFVKQAKQ----------

Qy         318 DTPCPPVYAETKHFLYS-SGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPW
                          |:| :  |     : |: :| :|||: : :: |:  ||     |
Db         304 -------VKRNKNFKFGLSETYSVIPPNHILKTLRPNCSDSKLLMNHIFGEVNVW

Qy         377 RRLPRLPQ----RYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP--------LRAAV
                     |      |  :      |:|        :||  |||        |::
Db         357 HGKGNCPSGSICLYHSLLKSLKNLIGKTKSSHLKMLLDKHCPVLLLQEDALKSGT

Qy         425 VCAREK----PQGSVAA----PEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRR
                  |:|    | || ::    |:    : |:|      : :  ||  |: |  |
Db         417 --RRQKADKLPHGSSSSQTGKPKCPSVEERKL------YCTNDQVVSFIWAICRY

Qy         477 LWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPA
               | |: |  |   :|   |:|  :: | ::  :   |:   |  :  |     |
Db         469 LLGTTHQMRVLRKNIAWFVSRRRNEKCTVNQFLHKVKPSDFPFFARKE--LCCMV

Qy         537 REE--------ILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSK
               : |        :  |:: ||    | :|:   || ||:   :  :::|||  | :
Db         527 QSESIRSTQQMLCTKWISWLFLEIVKKLVHFNFYATESQGGRLNIYYYRKRSWER

Qy         589 IRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGAR
               | : |    | : : |||  : :        |:  ||:|| :|:| :::
Db         587 ISKALDGYVLVDDAEAESSRKK-------LSKFRFLPKANGVRMVLD--------

Qy         649 KRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPP
                |::  |    :   :||   : : | :||:||   || :|    ::: :|:|
QSL----RDTHAVLKDIQLKEPDVLGSSVFDHDDFYRNLCPYLIHLRSQSGELPPLY 686

VDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGH------VRKAFKS 761
 ||  |:|:: | :|  || | :| :  | : |  :|      :      |     |
ADVFKAFDSVDQGKLLHVIQSFLKDE--YILNRCRLVCCGKRSNWVNKILVSSDKNS 744

TLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIR 821
  |   ||       ||       ::|:::  :       |       : :: :::
RFTSTVPYNA-----LQ-------SIVVDKGENHRVRKKDLMVWIGNMLKNNMLQLD 792

YVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGI--------------RRDGL----- 862
|||  |||||  ||:|||   || :|  |                  | : |
YVQIAGIPQGHRLSSLLCCFYYGHLERTLIYPFLEEASKDVSSKECSREEELIIPTS 852

LRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDE-------- 912
|| :||:| |:     | :|   |  |  :| | :|  |  :||  ::|
LRFIDDYLFVSTSRDQASSFYHRLKHGFKDYNCFMNETKFCINFEDKEEHRCSSNRM 912

LGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNM 970
  |  ||:        | |||:::|| ||| ||: |    | :: :     |  ||:
DNGVPFVR--------WTGLLINSRTFEVQVDYTRYLSGHISSTFSVAWQNKPVRNL 964

LFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWK-NP 1029
|   |  ||| :  |  :|| : |  |||:| || | :||  | ::    : || :|
LCYFLVPKCHPILFDSNINSGEIVRLNIYQIFLLAAMKFHCYVYEV---SRFWKLHP 1021

LRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAK-GAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVT 1088
 : |: :    : ::   :   :: |:       |  | | ||   |::  | :
FKFITISVRYMFRLINRRVRRINTGSSFRPVLKLYKEEVIWLGLDAYIQVLKKKNSR 1081

LLGSLRTA------QTQLSRKLPGTT 1111
||  |::|        ||| :|   |
LLIYLKSALSKHSLSQQLSSELKYAT 1110



PRELIMINARY;      PRT;   1123 AA.

(TrEMBLrel. 13, Created)
(TrEMBLrel. 13, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
everse transcriptase.
E19_190.
thaliana (Mouse-ear cress).
iridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
a; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids;
 Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
702;

M N.A.
olumbia;
2974; PubMed=10471830;
iu H., Tamura K., Takahashi H.;
loning and characterization of AtTERT, a telomerase
scriptase homolog in Arabidopsis thaliana.";
57:465-469(1999).

M N.A.
amura Y., Kaneko T., Kato T., Asamizu E., Kotani H.,
ewes H.W., Rudd S., Lemcke K., Mayer K.F.X.;
UG-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.

M N.A.
is sequencing project;
UG-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
54; AAD54777.1; -.
47; CAC01849.1; -.
 T51517.
34; C:nucleus; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
23; F:RNA binding; IEA.
54; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
```

```
DR   GO; GO:0004867; F:serine protease inhibitor activity; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas.
DR   GO; GO:0016740; F:transferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006278; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR000215; Serpin.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 1.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
DR   PROSITE; PS00284; SERPIN; 1.
KW   RNA-directed DNA polymerase; Transferase.
SQ   SEQUENCE   1123 AA;  130579 MW;  5645B8295817B7F6 CRC64;

  Query Match             12.2%;  Score 724.5;  DB 10;  Length 1123;
  Best Local Similarity   23.8%;  Pred. No. 7.1e-47;
  Matches  294;  Conservative  199;  Mismatches  511;  Indels  233;

Qy          1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYREVLPLATFV------RRLGPQGWR------------
              ||| || |    | |        |   :      | : |:  |
Db          1 MPRKPRHRVPEILWRLFGNRARNLNDAIVDLIPNRNIQPEQCRCRGQGCLGCSSI

Qy         39 VQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWDARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRL---CE
              ::  ||  :| |: :| | |  :  ||    |       :|:| |::: :   |:
Db         61 LRSDDPIHYRKLLHRCFV-VLHEQTPPLLDFSPTSWWSQREIVERIIEMMQSGCD

Qy         96 VLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLV
              |:   :   | :                 : : : |  | :|  ||:||  ||:|
Db        118 VICARYDKYDQS-----------------SPILELLT-SSSWEFLLKRVGHDVMV

Qy        156 CALFVLVAPSCAYQVCGPPLYQLGAAT------QARPPPHASGPRRRLGCERAWN
               ::|: :      || ||||      |      : :   :   | :|     | :
Db        160 TSIFLPLLGKKHQQVSGPPLCIKHKRTLSVHENKRKRDDNVQPPTKRQWLSSAVD

Qy        210 AGVPLGLPAPG----ARRRGGSASRSLPLPKRPRRGA--------APEPERTPVG
                  :  |  |      |   :  ||    || |:             |  ||
Db        220 DSATI-TPIVGEDVDQHREKKTTKRSRIYLKRRRKQRKVNFKKVDCNAPCITP--

Qy        258 HPGRTRGPSDRGFCVVSPARPAEEATSLEGALSGTRHSHPSVGRQHHAGPPSTSR
                  | |    |           :  :|   ::|:        :|
Db        272 ---STNGKVSTG----------NDEMNLHIGINGSLTDFVKQAKQ----------

Qy        318 DTPCPPVYAETKHFLYS-SGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIFLGSRPW
                         |:| :  |     : |: :| :|||: : :: |:  ||     |
Db        304 -------VKRNKNFKFGLSETYSVIPPNHILKTLRPNCSDSKLLMNHIFGEVNVW

Qy        377 RRLPRLPQ----RYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCP--------LRAAV
                    |      |  :      |:|        :||  |||        |::
Db        357 HGKGNCPSGSICLYHSLLKSLKNLIGKTKSSHLKMLLDKHCPVLLLQEDALKSGT

Qy        425 VCAREK----PQGSVAA----PEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRR
                 |:|    | || ::    |:    : |:|      : :  ||  |: |  |
Db        417 --RRQKADKLPHGSSSSQTGKPKCPSVEERKL------YCTNDQVVSFIWAICRY

Qy        477 LWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPA
              | |: |  |   :|   |:|  :: | :: :   |:   |  :  |     |
Db        469 LLGTTHQMRVLRKNIAWFVSRRRNEKCTVNQFLHKVKPSDFPFFARKE--LCCMV

Qy        537 REE--------ILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSK
              : |        :  |:: ||    | :|:   || ||:   :  :::|||  | :
Db        527 QSESIRSTQQMLCTKWISWLFLEIVKKLVHFNFYATESQGGRLNIYYYRKRSWER

Qy        589 IRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGAR
              | : |    | : :|||  : :        |: ||:|| :|:| :::
Db        587 ISKALDGYVLVDDAEAESSRKK-------LSKFRFLPKANGVRMVLD--------

Qy        649 KRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPP
               |:: |    :   :||   : : | :| :||   || :|    ::: :|:|
Db        631 SRSQSL----RDTHAVLKDIQLKEPDVLGSSVFDHDDFYRNLCPYLIHLRSQSGE

Qy        708 FVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGH------VRI
              ||  ||  |:|:: | :|  || | :| :  | : |  :|      :      |
Db        687 FVVADVFKAFDSVDQGKLLHVIQSFLKDE--YILNRCRLVCCGKRSNWVNKILVS
```

```
TLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHHAVRIR 821
  |   ||       ||       ::|:::  :       |       : :: :::
RFTSTVPYNA-----LQ-------SIVVDKGENHRVRKKDLMVWIGNMLKNNMLQLD 792

YVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGI--------------RRDGL----- 862
|||  |||||  ||:|||   || :|  |                  | : |
YVQIAGIPQGHRLSSLLCCFYYGHLERTLIYPFLEEASKDVSSKECSREEELIIPTS 852

LRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDE-------- 912
|| :||:| |:     | :|   |  |  :| | :|  |  :||  ::|
LRFIDDYLFVSTSRDQASSFYHRLKHGFKDYNCFMNETKFCINFEDKEEHRCSSNRM 912

LGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNM 970
  |  ||:        | |||:::|| ||| ||: |    | :: :     |  ||:
DNGVPFVR--------WTGLLINSRTFEVQVDYTRYLSGHISSTFSVAWQNKPVRNL 964

LFGVLRLKCHSLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWK-NP 1029
|   |  ||| :  |  :|| : |  |||:| || | :||  | ::    : || :|
LCYFLVPKCHPILFDSNINSGEIVRLNIYQIFLLAAMKFHCYVYEV---SRFWKLHP 1021

LRVISDTASLCYSILKAKNAGMSLGAK-GAAGPLPSEAVQWLCHQAFLLKLTRHRVT 1088
 : |: :    : ::  :   :: |:       |  | | ||   |::  | :
FKFITISVRYMFRLINRRVRRINTGSSFRPVLKLYKEEVIWLGLDAYIQVLKKKNSR 1081

LLGSLRTAQTQ--LSRKLPGTTLTALEAAANPAL 1123
||  |::| ::  ||::|      | : : : :|
LLIYLKSALSKHSLSQQLSSELRYATDRSNSSSL 1118



PRELIMINARY;      PRT;  1259 AA.

(TrEMBLrel. 17, Created)
(TrEMBLrel. 17, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
everse transcriptase.

 (Rice).
iridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
a; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
e; Oryzeae; Oryza.
530;

M N.A.
amura K., Takahashi H.;
loning and characterization of OsTERT, a telomerase
scriptase homolog in Oryza sativa.";
UL-2000) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
16; AAK35007.1; -.
J13; -.
34; C:nucleus; IEA.
40; C:ribosome; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
23; F:RNA binding; IEA.
64; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
35; F:structural constituent of ribosome; IEA.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; IEA.
40; F:transferase activity; IEA.
12; P:protein biosynthesis; IEA.
78; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
R001209; Ribosomal_S14.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 1.
365; TELOMERASERT.
0527; RIBOSOMAL_S14; 1.
 DNA polymerase; Transferase.
259 AA;  143710 MW;  15B041789F2D5CAD CRC64;

          11.5%;  Score 688;  DB 10;  Length 1259;
larity   23.9%;  Pred. No. 5.5e-44;
Conservative  175;  Mismatches  486;  Indels  312;  Gaps   45;
```

```
Qy     36 W-RLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWD---ARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVL
          |  |:: ||| |:| |: : :  :  |   | |||             ||  ::
Db     66 WEHLLRDGDPIAYRRLITRAVCAIAADDLSAPPPPRYTPGNSGHSQARLVREMM

Qy     90 -ERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAFTTSVRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLR
             | ||||  |  | :| :                :     |  | :| :||
Db    126 QSHGTKNVLCNG--LHEGGQ----------------SICISDLVSSSSWSILLH

Qy    149 LVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL-----YQLGAATQARPPPHASGPRRRL
          : :||   ::|: |  :  :|| | ||       : |:| ||     :   :
Db    168 MCYLLRCTSIFLPVKKNDYFQVSGVPLNVVLRNPIFASTVARKHQPQTTKAKCH

Qy    204 N-----------HSVREAGVPLGLPAP------------GARRRGGS--ASRSL
                      |    :||     :             |: ||  |   |
Db    227 KSANMAENLSICHDSSNSGVNSSFSSTCKIVTQQSCETCGSIRRAESKDPSEGC

Qy    239 RRGAAPE-------PERTPVGQGSWAHPGR-----------------------
            | : |         |      ||    :                       :
Db    287 SDGRSGECCNCYTHNTRKRKRLYSWQRRSKKKQVCSVDESSAEWSKLNGSNFNM

Qy    267 -------DRGFCV------VSPARPAEEATS----LEGALSGTRHSHPSV----
                 |:   |       | ||  ::::|    :   :  :  |  ||   |
Db    347 NLAGKMNDQAQSVELTVDNTSLARSNDDSSSEIKVINATILSSEKSPCSVFDIR

Qy    303 -HHAGPPSTSRPPRPWDTPCPPVYAETKHFLYS---------SGDKEQLRPSFLI
           |:      |     : : || |   :   | |         |   :  |    |:
Db    407 CHY------SLSEVQYQSTCPQVGPSSYLHLNSCSICFNCIISNASKHLSLDSLI

Qy    353 SLTGARRLVETIF-------LGSRP------------------------------
           :   ||   ::|          ||
Db    459 GIFYNRRTTYSVFHCKHILSKRKRPDALSLVKHIFGINSCCASLLKYNCHESTI

Qy    371 --WMPGTPRRLPRLPQRYWQMRPLFLELLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTP--
            |:| : | |                 |  :| |  |   || ::  | |
Db    519 CCWLPKSIKNLIR-----------------NSKRCQYKKLFLKHCSVKCKVAPD

Qy    427 AREKPQGSVAAPEEEDTDPRRLVQLLRQHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGS
              | |  ||  :      |    |  :|:  ||  || | |:|:||  | |:
Db    562 KAHYPPGGKAAYYD------RSFSRLEAYSTHQQVASFVWAVLKRIVPKPLLGN

Qy    487 FLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRR------------SPGVGC
             |  ||| | :     | :    : |   :||                  |
Db    616 LRTNIWKFIKLRRFETFQLSDCIGDLKVSHYSWLSNIEFSNCFCSAIIGKQTGSS

Qy    535 RLREEILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGI
          : ::  ||  :: || |  |: ::|::|||||   ::  :|:| ||||  | |  |
Db    676 QEQKNILHCWISWLFSDIVIPVVRTYFYVTERESKRYDVFYYPKSVWRDLTSNAI

Qy    595 RVQLRELSEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREK
          :   | |   | |  :  |    :||:||:||   :||:|::
Db    735 KKNFRIL-RGEPR--KAVRHLNCSSRVRFLPKAKDMRPLVDL-------------

Qy    655 TSRVKALFSVLNYERARRPGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQ-DPPPELYF
           : :     ::   |  :| : |:||   :::|:    |:   |:|     ::|
Db    779 DANLNKCHLIMKKLRDEKPEMFGSSVFDYNNVHQNLSQFISSKRSQLMKKLKVYI

Qy    714 TGAYDTIPQDRLTEVIASIIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVS----
          : |:| :  | : ::|    |  : | ||: : |      :    | |: |
Db    839 SKAFDCVSHDMVLKMIDDAFK-CDEYTVRKCSKVICNRSKNSLYRFDSNASIGNG

Qy    769 LQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHH-------
          |          :| :|     : ::|         |     |:   ||
Db    898 LS---------IQLSS--GGGIFVDQ---------GTICRILKEQFHHLLYEQIK

Qy    820 IRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDG-------------
          |  | |:|  || ||| ||  |||| || :|| : :    |
Db    938 IGQKYYLQQVGIAQGSKLSPNLCSLYYGHLENSVLSKFLHDSKLNAGEAFSEPEY

Qy    867 VDDFLLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNF------PVEDEALG
          :|||: ::  | ||: ||  : ||   | | :|  |   ||      |  :
Db    998 IDDFIFISFSLEHAQKFLNRMRRGFVFYNCYMNDSKYGFNFCAGNSEPSSNRLYR
```

```
AHGLFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRL 980
     || |||::  |||:|:||: |   :| :::|  :   : : :  ||   :|
--SFMPWSGLLINCETLEIQADYTRYLDITIISTITV-KMHSSTKYIHSKLCHYMRP 1111

SLFLDLQVNSLQTVCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTA 1040
 :| |  :||  |:  |||:  || | :|| | ::      | |     |:||  |
PIFYDSNINSPGTIRVNIYQAFLLCAMKFH-CYIRSVSDANVSK--LELLQVIKRTF 1168

YSILKAKNAGMSLGAKGAAGPLPSEAVQWLCHQAF--LLKLTRHRVTYVPLLGSLRT 1098
:|::  :   : |                  |     :||| |    :: |   :|
HSLIVRRMQDVEL-----------------HYNVRPVLKLRRKETIWLGLTAYIRV 1210

QLSRKLPGTTLTALE 1116
: ||     ||   |
KQSRYKDMLTLLTAE 1228


PRELIMINARY;      PRT;  1261 AA.

(TrEMBLrel. 22, Created)
(TrEMBLrel. 22, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
everse transcriptase.

 (japonica cultivar-group).
iridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
a; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
e; Oryzeae; Oryza.
9947;

M N.A.
ipponbare;
6152; PubMed=12100484;
ska K., Schnippenkoetter W., Kilian A.;
 characterization of rice (Oryza sativa L) telomerase
scriptase, which reveals complex splicing patterns.";
75-86(2002).
53; AAM21641.1; -.
KW0; -.
34; C:nucleus; IEA.
40; C:ribosome; IEA.
77; F:DNA binding; IEA.
23; F:RNA binding; IEA.
64; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
35; F:structural constituent of ribosome; IEA.
21; F:telomeric template RNA reverse transcriptas. . .; IEA.
40; F:transferase activity; IEA.
12; P:protein biosynthesis; IEA.
78; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
R001209; Ribosomal_S14.
R000477; RVTse.
R003545; Telomerase_RT.
8; rvt; 1.
365; TELOMERASERT.
0527; RIBOSOMAL_S14; 1.
 DNA polymerase; Transferase.
261 AA;  143715 MW;  353153D1C8B7D5CB CRC64;

           11.0%;  Score 654.5;  DB 10;  Length 1261;
larity   23.6%;  Pred. No. 2.2e-41;
Conservative  173;  Mismatches  500;  Indels  337;  Gaps   48;

RSLLRSHYREVLPLATFVRR-----LGPQGW-RLVQRGDPAAFRALVAQCLVCVPWD 61
 ||| |      |      |     |  : |  |:: ||| |:| |: : :  :  |
FSLLPSPRHCESPCPACRGRVASGCLACRRWEHLLRDGDPVAYRRLITRAVCAIAAD 92

ARPPPAAPSFRQVSCLKELVARVLQRLC---ERGAKNVLAFGFALLDGARGGPPEAF 115
| |||             ||  ::: :      | ||||  |  | :| :
APPPPRYTPGNSGHSQARLVREMMKSIVADQSHGTKNVLCNG--LHEGGQ------- 143

VRSYLPNTVTDALRGSGAWGLLLRRVGDDVLVHLLARCALFVLVAPSCAYQVCGPPL 175
```

```
                          :     |  | :| :|| |:|| :: :||   ::|: |  :  :|
Db          144 ---------SICISDLVSSSSWSILLHRIGDLLMCYLLRCTSIFLPVKKNDYFQ

Qy          176 -----YQLGAATQARPPPHASGPRRRLGCERAWN-----------HSVREAGVP
                       : |:| ||     :   :   |   |            |    :||
Db          195 NVVLRNPIFASTVARKHQPQTTKAKCHTC-YLWKSANMAENLSICHDSSNSGVN

Qy          220 ------------GARRRGGS--ASRSLPLPKRPRRGAAPE-------PERTPVG
                            |: ||  |   |     || |  | : |         |
Db          254 CKIVTQQSCETCGSIRRAESKDPSEGCNCPKFPSDGRSGECCNCYTHNTRKRKR

Qy          259 PGR------------------------TRGPS--------DRGFCV------VS
                  :                        : |||        |:   |       |
Db          314 RSKKKQVCSVDESSAEWSKLNGSNFNMSNGPSENLAGKMNDQAQSVELTVDNTS

Qy          281 EATS----LEGALSGTRHSHPSV----GRQ----HHAGPPSTSRPPRPWDTPCP
                :::|    :   :  :  |  ||    | |    |:      |     : : ||
Db          374 DSSSEIKVINATILSSEKSPCSVFDIRGSQGLSCHY------SLSEVQYQSTCP

Qy          329 KHFLYS---------SGDKEQLRPSFLLSSLRPSLTGARRLVETIF-------L
                   | |         |   : |    |:|  |  :   ||   ::|
Db          428 YLHLNSCSICFNCIISNASKHLSLDSLIS--RNGIFYNRRTTYSVFHCKHILSK

Qy          371 -----------------------------------WMPGTPRRLPRLPQRYWQM
                                                   |:| : : | |
Db          486 LSLVKHIFGINSCCASLLKYNCHESTIRKSNCLCCWLPKSIKNLIR--------

Qy          396 LLGNHAQCPYGVLLKTHCPLRAAVTP--AAGVCAREKPQGSVAAPEEEDTDPRR
                   |  :| |  |   ||  ::  | |           | |  ||  :      |
Db          532 ---NSKRCQYKKLFLKHCSVKCKVAPDVTKNDGKAHYPPGGKAAYYD------R

Qy          454 QHSSPWQVYGFVRACLRRLVPPGLWGSRHNERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQE
                 :|:  ||  || | |:|:||  | |:   :|    |  |||  | :     | :
Db          583 AYSTHQQVASFVWAVLKRIVPKPLLGNSFGKRSLRTNIWKFIKLRRFETFQLSD

Qy          514 VRDCAWLRR------------SPGVGCVPAAEHRLREEILAKFLHWLMSVYVVE
                |   :||                  |   :|| : :: ||  :: || |  |: :
Db          643 VSHYSWLSNIEFSNCFCSAIIGKQTGSSTSAEEQKQKNILHCWISWLFSDIVIP

Qy          562 YVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLRELSEAEVRQHREARPA
                ||||   ::  :|:| ||||  | |  |   | :   | |   | |  :  |
Db          703 YVTERESKRYDVFYYPKSVWRDLTSNAIAS-LNKKNFRIL-RGEPR--KAVRHL

Qy          622 RFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERARRPGL
                ||:||   :||:|::             ||:   :  :     ::   |  :| :
Db          759 RFLPKAKDMRPLVDL-------------RAKSKDANLNKCHLIMKKLRDEKPEM

Qy          682 GLDDIHRAWRTFVLRVRAQ-DPPPELYFVKVDVTGAYDTIPQDRLTEVIASIIK
                  :::|:    |:   |:|     ::| |  ||: |:| :  | : ::|    |
Db          806 DYNNVHQNLSQFISSKRSQLMKKLKVYIVVADVSKAFDCVSHDMVLKMIDDAFK-

Qy          741 VRRYAVVQKAAHGHVRKAFKSHVS-----TLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDA
                ||: : |      :    | |: |     :: ||          :| :|     :
Db          865 VRKCSKVICNRSKNSLYRFDSNASIGNGNSIYDLS---------IQLSS--GGG

Qy          796 SSLNEASSGLFDVFLRFMCHH---------AVRIRGKSYVQCQGIPQGSILSTL
                        |     |:   ||         ::|  | |:|  || |||  ||  |
Db          913 --------GTICRILKEQFHHLLYEQIKCNILKIGQKYYLQQVGIAQGSKLSPN

Qy          847 GDMENKLFAGIRRDG-------------LLLRLVDDFLLVTPHLTHAKTFLRTL
                | :|| : :    |              ||:| :|||: ::  | ||: ||  :
Db          965 GHLENSVLSKFLHDSKLNAGEAFSEPEYLLMRFIDDFIFISFSLEHAQKFLNRM

Qy          894 YGCVVNLRKTVVNF------PVEDEALGGTAFVQMPAHGLFPWCGLLLDTRTLE
                | | :|  |   ||      |  :    |   |        || |||::  |||:
Db         1025 YNCYMNDSKYGFNFCAGNSEPSSNRLYRGDDGV-----SFMPWSGLLINCETLE

Qy          948 SY-----------ARTSIRASLTFNRGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCHSLFLDLQ
                 |            |  :  |:: ::           |: |     | :| | :
Db         1080 RYLDITHYLHPSLVRCHLHQSISTSK--------LCPLYAV--QNAHPIFYDSN

Qy          997 VCTNIYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVISDTASLCYSILKAK
                :  |||:  || | :|| | ::      | |     |:||  |    :|::  :
```

```
NIYQAFLLCAMKFH-CYIRSVSDANVSK--LELLQVIKRTFRYMHSLIVRRMQDVEL 1186

GAAGPLPSEAVQWLCHQAF--LLKLTRHRVTYVPLLGSLRTAQTQLSRKLPGTTLTA 1114
               |     :||| |    :: |    :|  | : ||    ||
---------------HYNVRPVLKLRRKETIWLGLTAYIRVLQQKQSRYKDMLTLLT 1228

1116

1230



PRELIMINARY;      PRT;  1032 AA.

(TrEMBLrel. 25, Created)
(TrEMBLrel. 25, Last sequence update)
(TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
everse transcriptase.

ssus.
lveolata; Ciliophora; Spirotrichea; Hypotrichia;
uplotidae; Moneuplotes.
936;

M N.A.
Z., Wang L., Shrode T., Bednenko J., Hurley L.A.,
;
ally programmed gene elimination in Euplotes crassus
a switch in the telomerase catalytic subunit.";
003).
43; AAP42278.1; -.
 DNA polymerase.
032 AA;  123265 MW;  C44E30B6D6D37953 CRC64;

         8.0%;  Score 478;  DB 5;  Length 1032;
larity   24.8%;  Pred. No. 7.3e-28;
Conservative  110;  Mismatches  276;  Indels   76;  Gaps   19;

RFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRLREE--- 539
 |    ||:: | ||  :    |  |: ::   ||    |        |   :|
SFQSKIKKYVGLNKHELIHKNLLLGKLDIKSIKWL----GFKTSKKNYHYFDKENRF 434

KFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHLKRVQLR 599
: | |:    || |:| ||||||     :  ::|||::|  :    |   | |  |
RILRWIFEDVVVSLIRCFFYVTEQQKSYSETYYYRKNIWDIVMKYSIAD-LNRETLE 493

SEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRR-----EKRAER 653
 |  |:   | | |    :|| |||    |||:         || :     | :  :
KEDMVKWKNELRFA--PGKLRLIPKKTTFRPIM---------TFNKKIVDPEGKTSK 542

RVKALFSVLNYERARR---PGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPPELYFVK 710
  |  :| |  :  :        | :|   ||: | :  |||: |  |  |:||||
NTKLSYSHLMLKTLKNRMFKDPFGFAVFNYDDVMRKYEEFVLKWRQVD-RPKLYFVT 601

TGAYDTIPQDRLTEVIAS--------------IIKPQNTYCVRRYAVVQKAAHGHVR 756
   ||:: :::|:: : :              |:|  |   :      :|    : |
EKCYDSVDREKLSQFLGTTQLLSPNFQIIKVQILKRNNNIVIDSQNFKKKKMRDYFR 661

KSHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLRFMCHH 816
:  ::   |  | :   : |     :  :::|           | |  ::   |:
QK-IALEGDQYPSLFNVLENDQNELNAKKTLLVENQKRDPYKKKALLDPVIKICRHN 720

IRGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDG---------LLLRLV 867
   | | | :|||||  :|::| |  |  :|      :|::          ||:||
FNRKYYKQTKGIPQGLCVSSILSSFYYASLEENALGYLRKESMDANDPNITLLMRLT 780

LLVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALG--GTAFV--QMP 923
||:|    :|  |:  |:    :     |::|   |||::   |   | | |  |
LLITTKENNAILFIEKLINVSRQNKFKFNMKKLQTNFPLDPSKLNKYGMASVEDQNI 840

LFPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFN-RGFKAGRNMRRKLFGVLRLKC 982
   | |: :|  || :  :  :  |  |  :|  | :  ||   ::|||
```

```
Db       841 AHDYIDWIGISIDMSTLALMPNI-NLRRKGILCTLNMNMQTKKASMWLKRKL--

Qy       983 HSLFLDLQVNSLQTVCTN-------IYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNP
              |  ::      :   ||       : |: :  ||::  | ::   | :   |
Db       892 KSFLMNNITRYFRKTITNREFSNKTLNKLYIAGAYKYMQCCIEYKDHFKT--NT

Qy      1036 ISDTASLCYSILKA 1049
                  :: ||: :|
Db       950 DKIICAIIYSVTRA 963

RESULT 15
Q8MUB3
ID   Q8MUB3       PRELIMINARY;      PRT;  1032 AA.
AC   Q8MUB3;
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Created)
DT   01-OCT-2002 (TrEMBLrel. 22, Last sequence update)
DT   01-OCT-2003 (TrEMBLrel. 25, Last annotation update)
DE   Telomerase reverse transcriptase.
GN   TERT-1.
OS   Euplotes crassus.
OC   Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Spirotrichea; Hypotrichia;
OC   Euplotida; Euplotidae; Moneuplotes.
OX   NCBI_TaxID=5936;
RN   [1]
RP   SEQUENCE FROM N.A.
RA   Wang L., Dean S.R., Shippen D.E.;
RT   "Oligomerization of the Telomerase Reverse Transcriptase from E
RT   crassus.";
RL   Submitted (JUL-2002) to the EMBL/GenBank/DDBJ databases.
DR   EMBL; AF528527; AAM95622.1; -.
DR   GO; GO:0005634; C:nucleus; IEA.
DR   GO; GO:0003677; F:DNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003723; F:RNA binding; IEA.
DR   GO; GO:0003964; F:RNA-directed DNA polymerase activity; IEA.
DR   GO; GO:0003721; F:telomeric template RNA reverse transcriptas.
DR   GO; GO:0016740; F:transferase activity; IEA.
DR   GO; GO:0006278; P:RNA dependent DNA replication; IEA.
DR   InterPro; IPR000477; RVTse.
DR   InterPro; IPR003545; Telomerase_RT.
DR   Pfam; PF00078; rvt; 2.
DR   PRINTS; PR01365; TELOMERASERT.
KW   RNA-directed DNA polymerase; Transferase.
SQ   SEQUENCE   1032 AA;  122966 MW;  0C401515839801A8 CRC64;

  Query Match             8.0%;  Score 474;  DB 5;  Length 1032;
  Best Local Similarity   24.8%;  Pred. No. 1.5e-27;
  Matches  152;  Conservative  112;  Mismatches  275;  Indels   74;

Qy       483 NERRFLRNTKKFISLGKHAKLSLQELTWKMSVRDCAWLRRSPGVGCVPAAEHRL
             | : |    ||:: | ||  :    |  |: ::   ||    |        |
Db       379 NRKSFQSKIKKYVGLNKHELIHKNLLLGKLDIKSIKWL----GFKTSKKNYHYF

Qy       540 ILAKFLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLFFYRKSVWSKLQSIGIRQHL
             :| : | |:    || |:| ||||||     :  ::|||::|  :    |   |
Db       435 VLWRILRWIFEDVVVSLIRCFFYVTEQQKSYSETYYYRKNIWDIVMKYSIAD-L

Qy       600 EL-SEAEVRQHREARPALLTSRLRFIPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRR-----
             |:  |  |:   | | |    :|| |||    |||:         || :     |
Db       494 EVPKEDMVKWKNELRFA--PGKLRLIPKKTTFRPIM---------TFNKKILDP

Qy       654 LTSRVKALFSVLNYERARR---PGLLGASVLGLDDIHRAWRTFVLRVRAQDPPP
             :|:  |  :| |  :  :        | :|   ||: | :  |||: |  |  |:
Db       543 MTTNTKLSYSHLMLKTLKNRMFKDPFGFAVFNYDDVMRKYEEFVLKWR-QVGRP

Qy       711 VDVTGAYDTIPQDRL------TEVIASIIKPQNTYCVRR----YAVVQKAAHGH
             :|:   ||:: :::|      | :::|  :      ::|       : | |   :
Db       602 MDIEKCYDSVDREKLSQLLGTTRLLSSEFRIMTVQAMKRNNAEVVDLDKCARNK

Qy       761 ---SHVSTLTDLQPYMRQFVAHLQETSPLRDAVVIEQSSSLNEASSGLFDVFLR
                  ::   |  | :   :   |     :: :::|           | |  ::
Db       662 QKWQKIALEGDQYPSLLNVLEDDQNDLNAKETLLVENQKRDPYKKKALLDPVIK
```

```
RGKSYVQCQGIPQGSILSTLLCSLCYGDMENKLFAGIRRDG---------LLLRLVD 868
  | | | :|||||  :|::| |  |  :|      :|::          ||:|| |
NRKYYKQTKGIPQGLCVSSILSSFYYASLEENALGYLRKESMDANDPNITLLMRLTD 781

LVTPHLTHAKTFLRTLVRGVPEYGCVVNLRKTVVNFPVEDEALG--GTAFV--QMPA 924
|:|    :|  |:  |:    :     |::|   |||::   |   | | |  |  |
LITTKENNAILFIEKLINVSRQNKFKFNMKKLQTNFPLDPSKLNKYGMASVEDQNIA 841

FPWCGLLLDTRTLEVQSDYSSYARTSIRASLTFN-RGFKAGRNMRRKLFGVLRLKCH 983
  | |: :|  || :  :  :  |  |  :|  | :  ||   ::|||
IDWIGISIDMSTLALMPNI-NLRRKGILCTLNMNMQTKKASMWLKRKL--------K 892

LDLQVNSLQTVCTN-------IYKILLLQAYRFHACVLQLPFHQQVWKNPTFFLRVI 1036
::   :  :   ||       : |: :  ||::  | ::   | :   |     ::
MNNITHYFRKTITNREFSNKTLNKLYIAGAYKYMQCCIEYKDHFKT--NTEIHPQLD 950

ASLCYSILKA 1049
 ::  ||: :|
CAIIYSVTRA 963


 April 22, 2004, 00:16:42
s
```